

This Page Is Inserted by IFW Operations
and is not a part of the Official Record

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images may include (but are not limited to):

- BLACK BORDERS
- TEXT CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- FADED TEXT
- ILLEGIBLE TEXT
- SKEWED/SLANTED IMAGES
- COLORED PHOTOS
- BLACK OR VERY BLACK AND WHITE DARK PHOTOS
- GRAY SCALE DOCUMENTS

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

**As rescanning documents *will not* correct images,
please do not report the images to the
Image Problem Mailbox.**

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro



INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

<p>(51) Internationale Patentklassifikation 6 : C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17, G01N 33/68, C12Q 1/68, C12N 15/62, A61K 48/00, C12N 5/10, 15/70, 15/79, 15/10</p>	<p>A2</p>	<p>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/54461 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 28. Oktober 1999 (28.10.99)</p>
<p>(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01174 (22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99) (30) Prioritätsdaten: 198 17 948.0 17. April 1998 (17.04.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).</p>		<p>(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i></p>
<p>(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF ENDOMETRIUM TUMOUR TISSUE (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS ENDOMETRIUMTUMORGEWEBE (57) Abstract <p>The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of endometrium tumour tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof.</p><p>(57) Zusammenfassung <p>Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen-mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.</p></p><p>Applicants: Paz Einat et al. Serial No.: 10/618,143 Filed: July 11, 2003 Exhibit 5</p></p>		

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbajdschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometriumtumorgewebe

5 Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

10 Eine Krebstodesursachen bei Frauen ist der Endometriumtumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine
20 Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die
25 experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags)
30 sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350
35 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der
40 cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

45 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebetyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich
50 größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen

Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

- 5 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No.141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Endometriumtumor eine Rolle spielen.

- 10 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- 15 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.
- 20 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- 25 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

- 30 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-126 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

- 35 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, die im Endometriumtumor erhöht exprimiert sind.

- 40 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 hybridisieren.

- 45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

- 50 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein

bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

- 5 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, 10 pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu 15 verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

- 20 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 30 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den 35 Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 40 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

- 45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. 50 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.

5

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 142-528 und Seq. ID Nos. ORF 561-575, 577-625, 630-635 aufweisen.

10

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 kodiert werden.

15

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

20

Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

25

Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

30

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

35

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden können.

40

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Uterustumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.

45

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

50

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis

Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

- 5 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen
10 hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer
15 eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

- 5 Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
- ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
- 10 Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)
- Singleton= ein Contig, der nur eine Sequenz enthält
- 15 Modul = Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
- 20 N = wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
- X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

25 Erklärung zu den Alignmentparametern

- minimal initial match= minimaler anfänglicher Identitätsbereich
- maximum pads per read= maximale Anzahl von Insertionen
- 30 maximum percent mismatch= maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

- 35 Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
- Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
- 40 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
- 45 Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
- Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern
- 50 Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Uterusgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

40 Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

Beispiel 2

5 Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA- Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene
erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in
einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

2.1 Elektronischer Northern-Blot

15 Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig
von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B.
BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J.*
Mol. Biol., **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A.,
Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids*
20 *Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988)
Proc. Natl. Acad. Sci. USA **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in
verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-
Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-
spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als
elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25

2.1.1

30 Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID
No. 136 gefunden, die 15,6 .x stärker im Endometriumtumor als im Normalgewebe
vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duenn darm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0150	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0114	0.0041	2.7942	0.3579
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0108
45	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0076
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0060
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35

40		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
50	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
60	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0077
65	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.3166	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0281	0.2774	3.6055
	Brust	0.0090	0.0188	0.4764	2.0992
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0176	0.4852	2.0611
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0118	0.0123	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0240	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0136	0.0274	0.4956	2.0176
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0149	0.7312	1.3677
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0026		1.5254	0.6555
	Brust	0.0038		0.0038		1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0060		0.0000		undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0025		0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000		0.0093		0.0000	undef
	Gehirn	0.0015		0.0021		0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0053		0.0137		0.3855	2.5941
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0193		0.0000		undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Pankreas	0.0017		0.0055		0.2991	3.3428
	Penis	0.0060		0.0267		0.2246	4.4517
	Prostata	0.0065		0.0021		3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0135		0.1055		0.1280	7.8106
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0068		0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
35	Samenblase	0.0178					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078					
	Zervix	0.0000					
40	FOETUS						
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0083					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0079					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0036					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
55	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0759					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0029					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0040					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0083					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0120	0.0104	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0075	1.1321	0.8833
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0278	0.3451	2.8974
	Gehirn	0.0133	0.0164	0.8100	1.2346
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0170	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0197	0.0164	1.2066	0.8288
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0180	0.1904	5.2530
20	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0240	0.0267	0.8985	1.1129
	Prostata	0.0044	0.0192	0.2275	4.3961
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0272	0.8417	1.1881
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0250
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0157
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0178
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0354
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0245
	Gastrointestinal	0.0244
60	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0551
	Hoden	0.0386
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0181
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0037	0.0092	0.4000	2.5001
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0043	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
50	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0090	0.0188	0.4764	2.0992
	Duenndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0213	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0201	0.1698	5.8889
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
50	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
70	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0153	0.0188	0.8166	1.2245
	Duenndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0182	0.4934	2.0268
10	Endokrines_Gewebe	0.0187	0.0100	1.8679	0.5354
	Gastrointestinal	0.0192	0.0324	0.5917	1.6901
	Gehirn	0.0067	0.0205	0.3240	3.0866
	Haematopoetisch	0.0147	0.0379	0.3882	2.5762
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0323	0.4412	2.2666
	Herz	0.0148	0.0275	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0156	0.0102	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2850	0.7782
	Niere	0.0407	0.0068	5.9478	0.1681
25	Pankreas	0.0132	0.0110	1.1966	0.8357
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165			
	Zervix	0.0319			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0393			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.1114			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0175			
	Gastrointestinal	0.0244			
70	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0111	0.0031	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0256	0.3051	3.2777
	Brust	0.0090	0.0113	0.7939	1.2595
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140	3.1849
	Endokrines_Gewebe	0.0255	0.0050	5.0944	0.1963
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0185	0.5177	1.9316
	Gehirn	0.0044	0.0082	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0134	0.0379	0.3529	2.8338
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0194	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0083	0.0184	0.4516	2.2144
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0060	0.0533	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0262	0.0192	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0389			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0458			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust	0.0115	0.0132	0.8750	1.1429
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0125	0.9509	1.0516
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0096	0.0041	2.3399	0.4274
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230
	Haut	0.0330	0.2542	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0468	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0052	0.0082	0.6350	1.5747
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0087	0.0106	0.8189	1.2211
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
60	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0093	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0052	0.0010	5.0397	0.1984
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0201	0.0412	0.4883	2.0480
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0114	0.0184	0.6209	1.6105
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4759	2.1012
20	Niere	0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0170	0.3839	2.6051
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0064	0.0019	3.4026	0.2939
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0118	0.0031	3.8398	0.2604
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
50	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
70	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
	Gastrointestinal	0.0038	0.0185	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
25	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0140			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0680			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
50	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0232
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0153	0.0094	1.6333	0.6123
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0130	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
60	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0026		1.5254	0.6555
	Brust	0.0013		0.0056		0.2268	4.4083
	Duenn darm	0.0061		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0078		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0050		0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0038		0.0046		0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037		0.0041		0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0067		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
	Herz	0.0074		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
20	Lunge	0.0042		0.0041		1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0060		0.5711	1.7510
	Niere	0.0027		0.0137		0.1983	5.0439
25	Pankreas	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0267		0.0000	undef
	Prostata	0.0022		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0224					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035					
	Zervix	0.0000					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0036					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
55	Placenta	0.0182					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0051					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
70	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0077					
	Lunge	0.0082					
75	Nerven	0.0010					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0042					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0017	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2639	0.0256	39.0528	0.0256	39.0528
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
55	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
65	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Foetal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
70	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0154	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
75	Nerven	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0082	0.1270	7.8735
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0081	0.0479	0.1699	5.8845
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2639	0.0256	39.0528
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
60	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0000
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
45	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
50	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
60	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
65	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0404	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0269	0.1066	0.2527	3.9571
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0096	0.0231	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
25	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0051	0.0113	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0251	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0185	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0118	0.0041	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0064	0.0275	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0187	0.0164	1.1431	0.8748
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0182	0.0055	3.2906	0.3039
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0131	0.0213	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1583	0.0854	11.7158
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0199			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0399			
	Haut-Muskel	0.0454			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0301			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0102	0.0226	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
	Gastrointestinal	0.0153	0.0046	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0074	0.0103	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0379	0.1412	7.0845
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0143	0.0129	1.1029	0.9067
	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0164	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
20	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0083	0.0276	0.2991	3.3428
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0196	0.0149	1.3161	0.7598
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
30	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0251			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
40	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0217			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
50	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0557			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0402			
	Gastrointestinal	0.0610			
65	Haematopoetisch	0.0342			
	Haut-Muskel	0.0486			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
40	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
45	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
50	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
60	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
65	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0094	0.1361	7.3472
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0412	0.1285	7.7824
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
20	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
25	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0031	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0441	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0028	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0039	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0036	
	Lunge	0.0036	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0062	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0017	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0032	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0030	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0042	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0128	0.9153	1.0926
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0046	2.8992	0.3449
	Gehirn	0.0103	0.0113	0.9163	1.0913
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0145	0.0123	1.1854	0.8436
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0075	0.5104	1.9593
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0077	0.0185	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.1908	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0281	0.0226	1.2476	0.8015
	Duennndarm	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0044	0.0072	0.6171	1.6205
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0180	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0102	1.5254	0.6555
	Brust	0.0115	0.0207	0.5568	1.7960
	Duenndarm	0.0215	0.0165	1.2976	0.7707
	Eierstock	0.0240	0.0260	0.9210	1.0858
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0139	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0170	0.0246	0.6900	1.4494
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0194	1.2255	0.8160
15	Herz	0.0180	0.0275	0.6553	1.5260
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0081	0.0411	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0940	0.4775
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0426			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0211			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0056	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0072	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0170	0.8957	1.1165
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0094	0.4083	2.4491
	Duennndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0150	0.0208	0.7195	1.3898
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0100	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0046	4.9700	0.2012
	Gehirn	0.0096	0.0082	1.1699	0.8547
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0081	0.0274	0.2974	3.3626
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0236			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0356			
	Lunge	0.0289			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0628			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0244	0.0137	1.7843	0.5604
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestin	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0038	0.0188	0.2042	4.8982
	Duennndarm	0.0153	0.0331	0.4634	2.1579
	Eierstock	0.0120	0.0208	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0125	1.0868	0.9201
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0041	1.2599	0.7937
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0847	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0194	0.4902	2.0400
15	Herz	0.0307	0.0275	1.1179	0.8945
	Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0286	0.1452	6.8893
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0116	0.0110	1.0470	0.9551
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1583	0.0854	11.7158
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102	0.1908	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0748			
50	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0421			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0182	0.3289	3.0402
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0728	0.0185	3.9346	0.2542
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
25	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0608			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0063	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0036	
	Lunge	0.0000	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0309	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0051	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0047	
	Gastrointestinal	0.0366	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0154	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0040	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0125	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0013		0.0019		0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000		0.0165		0.0000	undef
	Eierstock	0.0000		0.0078		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0007		0.0021		0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0234		0.0000	undef
	Lunge	0.0021		0.0061		0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0043		0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0063					
40	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0071					
	Lunge	0.0072					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0136					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0029					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0010					
	Prostata	0.0137					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0125	0.9509	1.0516
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0059	0.0051	1.1519	0.8681
	Haematopoetisch	0.0187	0.0379	0.4940	2.0241
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0019	0.0231	0.0828	12.0723
	Gehirn	0.0089	0.0031	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
50	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0151
	Gastrointestinal	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
40	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
45	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
50	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
60	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
65	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0150	0.5104	1.9593
	Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0208	0.4317	2.3163
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0150	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0268	0.0231	1.1597	0.8623
	Gehirn	0.0081	0.0123	0.6600	1.5152
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0011	0.0412	0.0257	38.9118
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991	3.3428
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0554	0.5512	1.8143
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit
Brust	0.0136
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0253
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0070
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0097
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0131
Prostata	0.0205
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0038	0.0139	0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0149	0.2925	3.4192
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
45	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
50	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
60	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
65	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
70	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
75	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0010	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
50	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
70	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
50	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
70	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
30	Samenblase	0.0000	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000		
	Zervix	0.0000	0.0000		
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0026	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	0.0026	1.1513	0.8686	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Haut	0.0330	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
15	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
20	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	0.0000	undef	
	Penis	0.0000	0.0533	0.0000	0.0000	undef	
	Prostata	0.0022	0.0021	0.0021	1.0236	0.9769	
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.1055	0.0000	undef	
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Brust-Hyperplasie	0.0064	0.0000	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000			
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017	0.0000	0.0000			
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000			
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
	Gehirn	0.0063	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
45	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
55	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
	Foetal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
60	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
	Nerven	0.0030	0.0000	0.0000	0.0030	0.0000	
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	
65	Uterus_n	0.0083	0.0000	0.0000	0.0083	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.1583	0.0000	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
35		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
40	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
55	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Foetal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
60	Haematopoetisch	0.0057	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nerven	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
65	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0118	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0106	0.0000	undef	undef
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0111	0.0000	undef	undef
45	Gehirn	0.0063	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0108	0.0000	undef	undef
	Nebenniere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
55	Placenta	0.0061	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0249	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	undef	undef
65	Eierstock_t	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Foetal	0.0041	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
70	Haematopoetisch	0.0057	0.0000	undef	undef
	Haut-Muskel	0.0065	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
75	Nerven	0.0050	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_n	0.0125	0.0000	undef	undef

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
65	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0052		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0022		0.0021		1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0010		0.0041		0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0060		0.5711	1.7510
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Pankreas	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0022		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1583		0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
35	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0106					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
55	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0051					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0070					
	Gastrointestinal	0.0000					
70	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0231					
	Lunge	0.0164					
75	Nerven	0.0050					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0125					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
40	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
45	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
50	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
60	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
65	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0164	0.1905	5.2490
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duenndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0058		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
40	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
50	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
60	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0017					
	Gastrointestinal	0.0000					
65	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0077		0.5085	1.9666
	Brust	0.0128		0.0000		undef	0.0000
	Duennndarm	0.0061		0.0165		0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0060		0.0000		undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068		0.0050		1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038		0.0046		0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037		0.0051		0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0147		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0042		0.0137		0.3084	3.2426
	Hoden	0.0058		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0042		0.0041		1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0054		0.0068		0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0090		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0022		0.0043		0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.1055		0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061					
	Zervix	0.0106					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0139					
	Gastrointestinal	0.0056					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0036					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0000					
50	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0051					
	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0076					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0228					
	Haut-Muskel	0.0227					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0060					
65	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0155					
	Uterus_n	0.0083					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0094	0.4083	2.4491
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0128	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0101	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0041	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0456	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0154	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0010	
65	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0042	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0110
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0234		0.0230		1.0170	0.9833
	Brust	0.0269		0.0207		1.2992	0.7697
	Duenn darm	0.0061		0.0662		0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0150		0.0572		0.2616	3.8219
	Endokrines Gewebe	0.0085		0.0100		0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0134		0.0463		0.2899	3.4492
	Gehirn	0.0015		0.0092		0.1600	6.2504
	Haematopoetisch	0.0094		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0551		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143		0.0388		0.3676	2.7200
15	Herz	0.0085		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0058		0.0117		0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073		0.0286		0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0966		0.0077		12.6053	0.0793
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0060		0.0000	undef
20	Niere	0.0054		0.0068		0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0050		0.0055		0.8974	1.1143
	Penis	0.0329		0.1600		0.2059	4.8565
	Prostata	0.0087		0.0043		2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128					
	Prostata-Hyperplasie	0.0149					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
	Zervix	0.0532					
35		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0417					
	Gastrointestinal	0.0056					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0071					
	Lunge	0.0036					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0136					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0101					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0146					
	Gastrointestinal	0.0366					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0573					
	Nerven	0.0040					
	Prostata	0.0205					
	Sinnesorgane	0.0077					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0165	0.0000	undef	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0010	0.0010	3.5998	0.2778	
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Haut	0.0073	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0095	0.0065	0.0065	1.4706	0.6800	
15	Herz	0.0095	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Lunge	0.0021	0.0020	0.0020	1.0161	0.9842	
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.0060	0.2856	3.5020	
20	Niere	0.0027	0.0068	0.0068	0.3965	2.5219	
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.0110	0.1496	6.6857	
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Prostata	0.0065	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.1055	0.0640	15.6211	
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0063					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0036					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0126					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0082					
	Gastrointestinal	0.0122					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0246					
	Nerven	0.0100					
65	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0077					
	Uterus_n	0.0042					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0081	0.0092	0.8800	1.1364
	Haematopoetisch	0.0067	0.0379	0.1764	5.6676
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5711	1.7510
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
25	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0064	2.3885	0.4187
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
30	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
65	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0387			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0486	0.6423	1.5569
	Brust	0.0192	0.0282	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0364	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0326	0.8882	1.1258
	Gastrointestinal	0.0460	0.0231	1.9880	0.5030
	Gehirn	0.0532	0.0575	0.9257	1.0803
	Haematopoetisch	0.0348	0.0379	0.9175	1.0899
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0647	0.0735	13.5999
	Herz	0.0699	0.0412	1.6961	0.5896
	Hoden	0.0288	0.4210	0.0683	14.6349
	Lunge	0.0343	0.0368	0.9314	1.0737
	Magen-Speiserohre	0.0773	0.0230	3.3614	0.2975
20	Muskel-Skelett	0.0497	0.0660	0.7528	1.3283
	Niere	0.0353	0.1575	0.2241	4.4619
	Pankreas	0.0165	0.0939	0.1760	5.6828
	Penis	0.0299	0.0267	1.1232	0.8903
	Prostata	0.0196	0.0298	0.6580	1.5197
25	Uterus_Endometrium	0.0270	0.1583	0.1707	5.8579
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0679	0.3367	2.9702
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
30	Samenblase	0.0890			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0399			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.0333			
40	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0197			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0783			
	Lunge	0.0217			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0309			
50	Placenta	0.0727			
	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0244			
65	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0141			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 128

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 129

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
40	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
45	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 130

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Prostata-Hyperplasie	0.0059	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
45	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
50	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
60	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 131

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0115	0.0169	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0176	0.8733	1.1451
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0074	0.0092	0.8000	1.2501
	Haematopoetisch	0.0080	0.0758	0.1059	9.4460
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0114	0.0164	0.6985	1.4315
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0136	0.0137	0.9913	1.0088
	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0108
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0424
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0204
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0099
	Gastrointestinal	0.0244
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0259
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0090
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 132

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0051
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0006
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 133

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0104	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0176	0.5822	1.7176
	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
20	Lunge	0.0104	0.0204	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0240	0.3569	2.8016
	Niere	0.0244	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0149	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.2111	0.1280	7.8106
30	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
35	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0305			
45	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0253			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
65	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
70	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0020			
75	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 134

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0383	0.7119	1.4047
	Brust	0.0141	0.0244	0.5758	1.7366
	Duennndarm	0.0245	0.0331	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0312	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0201	1.4434	0.6928
10	Gastrointestinal	0.0287	0.0278	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0133	0.0298	0.4469	2.2378
	Haematopoetisch	0.0281	0.0379	0.7411	1.3494
	Haut	0.0073	0.0847	0.0866	11.5419
	Hepatisch	0.0381	0.0259	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0191	0.1512	0.1262	7.9265
	Hoden	0.0173	0.0702	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0447	0.0470	0.9498	1.0528
	Magen-Speiserohre	0.0773	0.0153	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0668	0.0420	1.5909	0.6286
20	Niere	0.0190	0.0342	0.5551	1.8014
	Pankreas	0.0066	0.0331	0.1994	5.0142
	Penis	0.0150	0.1600	0.0936	10.6842
	Prostata	0.0196	0.0149	1.3161	0.7598
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0204	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1240			
	Zervix	0.0213			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0408
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0169
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0454
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 135

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0383	1.0170	0.9833
	Brust	0.0102	0.0301	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117
10	Endokrines_Gewebe	0.0358	0.0351	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0148	0.0226	0.6545	1.5279
	Haematopoetisch	0.0227	0.2273	0.1000	10.0016
	Haut	0.0367	0.1695	0.2166	4.6168
15	Hepatisch	0.0285	0.0582	0.4902	2.0400
	Herz	0.0445	0.0687	0.6476	1.5441
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0291	0.0470	0.6185	1.6169
20	Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0153	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0685	0.0840	0.8159	1.2257
	Niere	0.0244	0.0685	0.3569	2.8022
	Pankreas	0.0116	0.0607	0.1904	5.2530
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.6332	0.0213	46.8633
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0408	0.1870	5.3463
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0867			
	Zervix	0.0639			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0236
45	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
50	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0997
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
60	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
65	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0464
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0150	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0114	0.0041	2.7942	0.3579
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567	1.1673
	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 137

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 138

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0077	0.0139	0.5522	1.8109
	Gehirn	0.0059	0.0062	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
20	Lunge	0.0062	0.0143	0.4355	2.2964
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0108
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0000
60	Foetal	0.0151
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0356
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 139

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0275	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
65	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
70	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
75	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 140

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0204
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0116
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0060
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 141

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0064	0.0150	0.4253	2.3511
	Duennndarm	0.0000	0.0496	0.0000	undef
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0083	0.0061	1.3548	0.7381
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
25	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
70	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
75	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

2.2 Fisher-Test

5 Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz *S* eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

10 Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu *S* homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu *S* gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15

Beispiel 3

20 Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz *S* vollzieht sich in drei Schritten:

- 25 1. Ermittlung aller zu *S* homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).

30

3. Berechnung einer Konsens-Sequenz *C* aus den assemblierten Sequenzen

35 Die Konsens-Sequenz *C* wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz *S*. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für *S* abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, *C* in gleicher Weise wie *S* zu verlängern. Diese

40 Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen *C_i* (*i*: Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if *H₀* Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while *C_i* > *C_{i-1}*; Abbruchkriterium II).

45 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

50 Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterustumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview"-Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

Legende zu den Modulen:

Pfam: Protein families database of alignments and HMMs (pfam@sanger.ac.uk)

PROSITE: The PROSITE database, its status in 1999. Nucleic Acids Res. 27: 215-219 (<http://www.expasy.ch/sprot/prosite.html>)

5 TABELLE I

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium- Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
1	erhöht	unbekannt		1046	2p24-2p21	D2S174-D2S390
2	erhöht	Mouse mammary tumor virus proviral envelope gene Polymerase protein	2x "CSD"	373		
3	erhöht	Homolog zu Human protein kinase C-binding protein RACK17		1571	1q32.1	D1S477-D1S504
4	erhöht	Homolog zu Human mRNA for KIAA0079		1789	10q21.3-q22.2	D10S537-D10S218
5	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid T23B12	"BTB"	2361		
6	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid C01A2		1638	20q13.32-q13.33	D20S100-D20S173
7	erhöht	unbekannt		1034	12q12	D12S1589-D12S85
8	erhöht	unbekannt		947	17p11.2-p12	AFMa126yd5
9	erhöht	unbekannt		497		
10	erhöht	unbekannt		269		
11	erhöht	unbekannt		1717		
12	erhöht	unbekannt	"zf-C3HC4"	1419		
13	erhöht	unbekannt		671	2q37.3	D2S2704
14	erhöht	unbekannt		524		
15	erhöht	unbekannt		345		
16	erhöht	rGSTK1-1=glutathione S-transferase subunit 13		1060	7q33-7q36.1	WI-9353
17	erhöht	Rattus norvegicus neuritin		1721	6p23-p25.1	D6S1617-D6S1674
18	erhöht	Rattus norvegicus cytosolic NADP-dependent isocitrate dehydrogenase	"isodh"	2367	2q34	WI-1247
19	erhöht	Rat unr mRNA for unr protein with unknown function	2x "CSD"	1321	1p13.3-1q11	D1S418-D1S252
20	erhöht	Rat prostatic binding protein polypeptide c1		384		
21	erhöht	Rat GTP-binding protein (ral B)		367		
22	erhöht	R.norvegicus mRNA for TRAP-complex gamma subunit		2621	3q24-q25.2	D3S1570
23	erhöht	P. salivum mRNA for Cop1 protein	2x "G-beta"	2019	1q23.3-q24.3	D1S242-D1S416
24	erhöht	P. falciptarum pfmdr1 gene		1866	18q12.1-q12.3	AFM164ya9
25	erhöht	ORF 5' of ECLF2...ECRF3=G protein-coupled receptor homolog		1189		

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
26	erhöht	O.cuniculus lambda-crystallin mRNA	"3HCDH"	1418		
27	erhöht	Mus musculus flotillin		814		
28	erhöht	Mouse glycerol-3-phosphate acyltransferase		3039	10q25.1-q25.2	D10S1465
29	erhöht	Mouse clathrin-associated protein (AP47)	"Adap_comp_sub"	1448		
30	erhöht	Lycopersicon esculentum biotin-containing subunit of methylcrotonyl-CoA carboxylase	"CPSase_L_chain", "biotin_req_enzy"	1394		
31	erhöht	Leucine aminopeptidase, bovine	"Peptidase_M17"	734		
32	erhöht	Klebsiella pneumoniae possible RNA helicase (dead)	2x "DEAD"	692		
33	erhöht	Human mammaglobin Homolog	"Uteroglobin"	517		
34	erhöht	Human DNA sequence from PAC 138A5 on chromosome X		322		
35	erhöht	Human DNA sequence from clone 230G1		1559		
36	erhöht	Human DNA sequence from clone 217C2		1072		
37	erhöht	Human Cosmid Clone 26a1	"RhoGAP"	454	22.q11.21-q11.23	D22S420-D22S446
38	erhöht	Homolog zu Human chromosome 3p21.1 gene sequence		700	3p21.1	
39	erhöht	Homo sapiens DNA from chromosome 19-cosmid 121246		914		
40	erhöht	H.sapiens mRNA for Ptg-1 protein		1669	17q21.31-q21.33	D17S791-D17S797
41	erhöht	H.sapiens CpG island DNA genomic MseI fragment		355		
42	erhöht	H.sapiens (TL5) mRNA from LNCaP cell line		2628	3q24	D3S3413
43	erhöht	Genomic sequence from Human 9q34		2535	9q34.11-q34.13	D9S179-D9S164
44	erhöht	Drosophila melanogaster misato gene	"MYB_3"	805	1q21.2	D1S305-D1S506
45	erhöht	Chicken mRNA for vitellogenin I		1279		
46	erhöht	Caenorhabditis elegans DNA from clone F31D4		1923		
47	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid ZK863		706		
48	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid ZK863		749		
49	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid ZK596		857	10q26.13	D10S212
50	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid T26A5		268		
51	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid T21G5		297		
52	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid F56D5		590		
53	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid F25D7		1714		
54	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid F08C6		1340		
55	erhöht	C.botulinum bont (partial) and ninth genes		765	3q24-q23	D3S3409

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
56	erhöht	Bovine mRNA fragment for 49 kDa subunit of mitochondrial NADH:ubiquinone oxidoreductase (EC 1.6.5.3)	"complex1_4 9Kd"	1647		
57	erhöht	Bos taurus (clone pTKD7) dopamine and cyclic AMP-regulated neuronal phosphoprotein (DARPP-32)		1166		
58	erhöht	A. thaliana mRNA for RNA helicase		487		
59	erhöht	A. thaliana glycine-rich protein (clone atGRP-4)		1630	5q23.3-q31.1	D5S396-D5S2119
60	erhöht	Saccharomyces cerevisiae Grd19p (GRD19)	2x "PX"; "BEM_DOM AIN"	1272	6q21	AFMa191wd1
61	erhöht	Saccharomyces cerevisiae chromosome XII cosmid 9328	2x "DEAD"; "helicase C"	1914	7p12.3-p13	D7S667-D7S2427
62	erhöht	S.pombe chromosome I cosmid c13D6		608		
63		Rattus norvegicus RNA helicase with arginine-serine-rich domain		2674	17q21.31-q22	D17S797-D17S788
64		Rattus norvegicus matrixin (MMP-7) mRNA		326		
65		Rattus norvegicus Diphor-1	2x "PDZ"	888	1q12	D1S2669-D1S498
66		Human herpesvirus-7 (HHV7) J1, G protein-coupled receptor (GCR)		202		
67		Homolog zu Human synapsin I (SYN1)		1225	1p22.3-p31.1	WI-3099
68		Homolog zu Human PAX3 gene		1093		
69		Homolog zu Human multiple exostosis 2 (EXT2)		309	1p21.3-p22.1	D1S2166
70		Homolog zu Homo sapiens integrin variant beta4E (ITGB4)		380		
71		Homolog zu Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor		1253		
72		Homolog zu H.sapiens mRNA for deoxyguanosine kinase		439		
73		Caenorhabditis elegans cosmid Y48E1B		1252	4p11-q12	D4S1619-D4S1600
74		Caenorhabditis elegans cosmid T21D12	"WW_DO-MAIN_2"	695		
75		Caenorhabditis elegans cosmid R107		2514	13q33.3-q34	D13S261-D13S293
76		Caenorhabditis elegans cosmid M04C9		274		
77		Bovine opsin	"7tm_1"	449		
78		unbekannt		346		
79		unbekannt		1329		
80		unbekannt		805		

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
81		unbekannt		420		
82		unbekannt		2143	9q21.32-q22.1	D9S264-D9S257
83		unbekannt		450		
84		unbekannt		408	17q23.1-q23.2	D17S1680
85		unbekannt		311		
86		unbekannt		487		
87		unbekannt		1902	11p12-p13	WI-6150
88		unbekannt		1048	1q42.11-q43	WI-9317
89		unbekannt		804		
90		unbekannt		581		
91		unbekannt		2042		
92		unbekannt		430		
93		unbekannt		592		
94		unbekannt		674		
95		unbekannt		324		
96		unbekannt		709	5p15.33	D5S1954
97		unbekannt		562		
98		unbekannt		1948	16p13.2-p12.3	D16S499
99		unbekannt		483		
100		unbekannt		437		
101		unbekannt		359		
102		unbekannt		501		
103		unbekannt		1102	1q23.1-q23.2	D1S445-D1S431
104		unbekannt		306		
105		unbekannt		2042		
106		unbekannt		320		
107		unbekannt		506		
108		unbekannt		1276		
109		unbekannt		373		
110		unbekannt	TPR_RE-PEAT	492		
111		unbekannt		1678	6q21	D6S278-D6S302
112		unbekannt		866	9q22.1-q22.2	D9S1841-D9S196
113		unbekannt		1434	18q12.1-q12.3	D18S1124-D18S468
114		unbekannt		914	7q32.3	D7S686-D7S530
115		unbekannt		685	8p12-p11.23	D8S1821-D8S255

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
116		unbekannt		2646		
117		unbekannt		2667		
118		unbekannt		544		
119		unbekannt		1340	18p11.21	D18S471-D18S464
120		unbekannt		2376		
121		unbekannt		225		
122		unbekannt		1967	6q22.33-q23.1	D6S292-D6S1699
123		unbekannt		612		
124		unbekannt		1183	2q32.3-q34	D2S315-D2S2237
125		unbekannt		891	4q28.1-q31.1	
126		unbekannt		482		
127		Human triosephosphate isomerase mRNA		610		
128		Human ras inhibitor mRNA		2072	9q33.3-q34.11	
129		Human R kappa B		980		
130		Human putative interferon-related protein (SM15)		792		
131		Human protein trafficking protein (S31iii125)	2x "EMP24 - GP25L"	1092	14q32.2-14q32.33	WI-9179
132		Human protein kinase C-binding protein RACK7		1523	20q13.13-q13.2	D20S957
133		Human gene for histone H1(0)	"linker histone"	2241	22q13.1	
134		Human cathepsin B proteinase	"Cys-protease"	631		
135		Homo sapiens cathepsin B mRNA	"Cys-protease"	980		
136		unbekannt		2238	14q24.1-14q24.3	D14S277
137		H.sapiens XG mRNA		398		
138		H.sapiens mRNA for RAB7 protein	ras	1084	7q21.3-q22.1	D7S652
139		H.sapiens mRNA for pyrroline 5-carboxylate synthetase		1259		
140		H.sapiens mRNA for beta-1,4-galactosyltransferase		1938	1q22-q23.1	
141		H.sapiens IL-13Ra		1874	Xq23	
531		Verlängerung von Seq. ID No. 19	2x "CSD"	1708	1p13.3-1q11	D1S418-D1S252
532		Verlängerung von Seq. ID No. 23	2x "G-beta"	2128	1q23.3-q24.3	D1S242-D1S416
533		Verlängerung von Seq. ID No. 25		2640		
534		Verlängerung von Seq. ID No. 32	2x "DEAD"	1245		
535		Verlängerung von Seq. ID No. 34		822		

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
536		Verlängerung von Seq. ID No. 43		2703	9q34.11-q34.13	D9S179-D9S164
537		Verlängerung von Seq. ID No. 44	"MYB_3"	2664	1q21.2	D1S305-D1S506
538		Verlängerung von Seq. ID No. 52		3888		
539		Verlängerung von Seq. ID No. 54		3304		
540		Verlängerung von Seq. ID No. 55		863	3q24-q23	D3S3409
541		Verlängerung von Seq. ID No. 59		1962	5q23.3-q31.1	D5S396-D5S2119
542		Verlängerung von Seq. ID No. 60	2x "PX"; "BEM_DOM AIN"	1772	6q21	AFMa191wd1
543		Verlängerung von Seq. ID No. 65	2x "PDZ"	1009	1q12	D1S2669-D1S498
544		Verlängerung von Seq. ID No. 69		2834	1p21.3-p22.1	D1S2166
545		Verlängerung von Seq. ID No. 82		2319	9q21.32-q22.1	D9S264-D9S257
546		Verlängerung von Seq. ID No. 84		2456	17q23.1-q23.2	D17S1680
547		Verlängerung von Seq. ID No. 87		2218	11p12-p13	WI-6150
548		Verlängerung von Seq. ID No. 88		2196	1q42.11-q43	WI-9317
549		Verlängerung von Seq. ID No. 93		701		
550		Verlängerung von Seq. ID No. 98		2214	16p13.2-p12.3	D16S499
551		Verlängerung von Seq. ID No. 108		1434		
552		Verlängerung von Seq. ID No. 111		2434	6q21	D6S278-D6S302
554		Verlängerung von Seq. ID No. 114		1457	7q32.3	D7S686-D7S530
555		Verlängerung von Seq. ID No. 126		741		

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
1	142
	143
	144
2	145
	146
	147
3	148
	149
	150
4	151
	152
	153
5	154
	155
	156
6	157
	158
	159
7	160
	161
	162
8	163
	164
	165
9	166
	167
	168
10	169
	170
	171
11	172
	173
	174
12	175

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
12	176
	177
13	178
	179
	180
14	181
	182
	183
15	184
	185
	186
	187
16	188
	189
	190
17	191
	192
	193
18	194
	195
	196
19	197
	198
	199
20	200
	201
	202
21	203
	204
22	205
	206
	207
23	208
	209
	210
24	211

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
24	212
	213
25	214
	215
	216
26	217
	218
	219
27	220
	221
	222
28	223
	224
	225
29	226
	227
	228
30	229
	230
	231
31	232
	233
	234
32	235
	236
	237
33	238
	239
	240
34	241
	242
	243
35	244
	245
	246

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	247
36	248
	249
37	250
	251
	252
38	253
	254
	255
39	256
	257
	258
40	259
	260
	261
41	262
	263
	264
42	265
	266
	267
43	268
	269
	270
44	271
	272
	273
45	274
	275
	276
46	277
	278
	279
47	280
	281
	282

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	283
48	284
	285
49	286
	287
	288
50	289
	290
	291
	292
51	293
	294
	295
52	296
	297
	298
53	299
	300
	301
54	302
	303
	304
55	305
	306
	307
56	308
	309
	310
57	311
	312
	313
58	314
	315
	316
59	317
	318

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	319
60	320
	321
	322
61	323
	324
	325
62	326
	327
	328
63	329
	330
	331
64	332
	333
	334
	335
65	336
	337
	338
66	339
	340
	341
67	342
	343
	344
68	345
	346
	347
69	348
	349
	350
70	351
	352
	353
71	354

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	355
	356
72	357
	358
	359
	360
73	361
	362
	363
74	364
	365
	366
75	367
	368
	369
76	370
	371
	372
77	373
	374
	375
78	376
	377
	378
79	379
	380
	380
	381
80	382
	383
	384
81	385
	386
	387
82	388
	389

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	390
83	391
	392
	393
84	394
	395
85	396
	397
	398
86	399
	400
	401
	402
87	403
	404
	405
	406
88	407
	408
	409
89	410
	411
	412
90	413
	414
	415
91	416
	417
	418
92	419
	420
	421
	422
93	423
	424
	425

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	426
94	427
	428
95	429
	430
	431
	432
96	433
	434
	435
97	436
	437
	438
98	439
	440
	441
99	442
	443
	444
100	445
	446
	447
101	448
	449
	450
102	451
	452
	453
103	454
	455
	456
104	457
	458
	459
	460
105	461

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	462
	463
106	464
	465
107	466
	467
	468
	469
108	470
	471
	472
109	473
	474
	475
110	476
	477
	478
111	479
	480
	481
112	482
	483
	484
	485
113	486
	487
	488
114	489
	490
	491
115	492
	493
	494
	495
116	496
	497

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	498
117	499
	500
	501
118	502
	503
	504
119	505
	506
	507
120	508
	509
	510
121	511
	512
	513
122	514
	515
	516
123	517
	518
	519
124	520
	521
	522
125	523
	524
	525
126	526
	527
	528
531	561
	562
	563
532	564
	565

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	566
533	567
	568
	569
534	570
	571
	572
535	573
	574
	575
536	577
	578
537	579
	580
	581
538	582
	583
	584
539	585
	586
	587
540	588
	589
	590
541	591
	592
	593
542	594
	595
	596
543	597
	598
	599
544	600
	601
	602

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
545	603
	604
	605
546	606
	607
	608
547	609
	610
	611
548	612
	613
	614
549	615
	616
	617
550	618
	619
	620
551	621
	622
	623
552	624
	625
554	630
	631
	632
555	633
	634
	635

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 142-528 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

5

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

10

(i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

15

(F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

20

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterustumorgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 622

25

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1046 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```
5   tcggaacgag ggatcactaa tcaacaaacc agctttcggg gtctgacgag atccttgcc 60
    caggcctctc gaggtccaga cagccgccca gcccgctctg cgacgcagca gtgaatagtg 120
    tggtaacctc ttgtctcggt tcagggtccag acctccccgt cttccggctg ccctgaacgt 180
    caggcgacct caggacctg tgattggcgc ctgcgccggc ggaccgtgac cgaggaaacc 240
    cctggaggga cttgggcatt ccttgggctc cgtgcctgtt cttcgtgctc ctttcggggc 300
    aaggatctca cattatcagt ctttgaccga cacagaatgc ctggcatttg ataatgttt 360
10  gttgaacttg aagagacata tggacaatga atctgcaaag atactgggga gagataccaa 420
    tatcatcaag ccagaccaac agaagtctct tcgatttgct cccacgggag ttccgtctgg 480
    tggaaagtcca tgaccacccc ctgcaccaac cctcagccaa caagccgaag cccccacta 540
    tgctggacat cccctcagag ccatgtagtc tcaccatcca tacgattcag ttgattcagc 600
    acaaccgacg tcttcgcaac cttattgcca cagtcaggc ccagaatcag cagcagacag 660
15  aaggtgtaaa aactgaagag agtgaacctc ttccctcgtg ccctgggtca ctcctctcc 720
    ctgatgacct cctgccttta gattgtaaga atcccaatgc accattccag atccggcaca 780
    gtgaccaga gagtgacttt tctcgtggga aaggggaacc tgtgactgaa ctcagctggc 840
    actcctgtcg gcagctctc taccaaggca gtggcacaaa tcctggccaa cggcgggctt 900
    ttgactgtgc taatgagagt gtccctggaag accctaactt gatgttgga catgagtatt 960
20  ggccctaaag ttaccaaaag tttgctgcgt ttttgctgtt gagcgggaag cccgggtggg 1020
    agagacttcc ttttgccgaa tgtgat                                     1046
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 373 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```
50  cgaaggcaga gttcaacagg gatcttttgt aaatgttcaa caagggccac aggagccatt 60
    tattgaattt atccatcagt taaccaggc aattaagagc acacatggaa catcgaccat 120
    tccacgggta tctcgtataa ccctcaagga caagccatag tggaacgttg cccattccac 180
    gcttaaaaat atgctttaaa aaaaggggga atatgaataa ggaccctaca acactactag 240
    cacaagtgtt attcaccctt aatttcttaa atttagataa ttaaatttcc aatcagccct 300
    agaaaagcac ttttgcttaa aacctcccca ggtagcaagg ctttcagtgt tttgggaagg 360
    tgtaaatagt atc                                     373
```

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1571 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

```
25 ctgctctggc aaccaataga agctaggaga gggcggggac aactgggtct tttgcggctg 60
cagcgggctt gtaggtgtcc ggctttgctg gccagcaag cctgataagc atgaagctct 120
tatctttggt ggctgtggtc gggtgtttgc tgggtgcccc agctgaagcc aacaagagtt 180
ctgaagatat ccggtgcaaa tgcattctgtc cacttatag aaacatcagt gggcacattt 240
acaaccagaa tgtatcccag aaggactgca actgcctgca cgtgggtggag cccatgccag 300
tgcttgccca tgacgtggag gcctactgcc tgcctgtgca gtgcaggtac gaggagcgca 360
30 gaccaccacc atcaaggtca tcattgtcat ctacctgtcc gtggtgggtg cctgtgtgct 420
ctacatggcc ttctgtatgc tgggtggacc tctgatccga aagccggatg catacactga 480
gcaactgcac aatgaggagg agaatgagga tgctcgtctc atggcagcag ctgctgcatc 540
cctcggggga ccccgagcaa acacagtcct ggagcgtgtg gaagggtgcc agcagcgggtg 600
gaagctgcag gtgcaggagc agcgggaagc agtcttcgat cggcacaaga tgctcagcta 660
35 gatgggctgg tgtggttggg tcaaggcccc aacaccatgg ctgccagctt ccaggctgga 720
caaagcaggg ggctacttct cccttccctc gggtccagtc ttccctttaa aagcctgtgg 780
catttttctt ccttctccct aacttttaga atgttgtact tggctatatt gattagggaa 840
gagggatgtg gtctctgatc tccgttgtct tcttgggtct ttgggggtga agggaggggg 900
aaggcaggcc agaagggaat ggagacattc gagggggcct caggagtgga tgcgatctgt 960
40 ctctcctggc tccactcttg ccgccttcca gctctgagtc ttgggaatgt tgttaccctt 1020
ggaagataaa gctgggtctt caggaaactc gtgtctggga ggaaagcatg gccagcattt 1080
cagcatgtgt tcctttctgc agtggttctt tatcaccacc tccctccag cccagcgcc 1140
tcagccccag cccagctcc agccctgagg acagctctga tgggagagct gggccccctg 1200
agcccactgg gtcttcaggg tgcaactgga gctggtgttc gctgtcccct gtgacttctt 1260
45 cgcactgggg catggagtgc ccatgcatac tctgtgccc gtcccctcac ctgcacttga 1320
ggggtctggg cagtcctctc tctccccagt gtccacagtc actgagccag acggtcgggtt 1380
ggaacatgag actcgaggct gagcgtggat ctgaacacca cagcccctgt acttgggttg 1440
cctcttgctc ctgaacttcg ttgtaccagt gcatggagag aaaattttgt cctctgtctt 1500
tagagtgtg tgtaaatcaa ggaagccatc attaaattgt tttatttctc tccaaaaaaa 1560
50 aaaaaaaaaa a 1571
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1789 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

20 agaccatgct ggaaaaaatt ccaaaggaag agcaagaaga gacgtctgca attcgagtgg 60
gttttatcac atataacaaa gttctccatt tctttaatgt gaagagtaat ctggcccagc 120
ctcagatgat gggggtgact gatgttgag aagtctttgt tcctttgttg gatggtttcc 180
ttgtcaacta tcaagaatcc caatctgtga ttcataatgt gttggaccag attccagaca 240
tgtttgcaga ctctaatgaa aatgagactg tctttgtctc tgtcatccag gctggcatgg 300
25 aagcactaaa ggcagcagac tgtcctggga agctgttcat cttccattct tccttgccaa 360
ctgctgaagc accaggggaag ctcaaaaaca gagatgacaa aaaactgggt aatacagaca 420
aagagaagat acttttccag ccccaaacaa atgtctatga ctcatggcc aaggactgcg 480
tggtcaccg gctgctctgt gacactcttc ctctttccta gtcagtatgt ggacgtggcc 540
tcgctggggc tggttcctca gctcactgga ggaacccctt acaaatacaa caatttccag 600
30 atgcacttgg atagacaaca atttttgaac gacctcagaa atgatattga aaagaaaaata 660
ggctttgatg ctattatgag ggctcgtacc agcacagggt tcagagccac tgatttcttt 720
ggtggaatct tgatgaacaa caccaccgat gtagaaatgg ctgccatcga ttgtgacaag 780
gcagtgaccg tggagttaa gcacgatgac aaactcagtg aagacagtgg agccttaatc 840
cagtgtgctg tgctttacac gacaatcagt ggtcaaagaa gacttcggat tcacaatctt 900
35 ggcttaaaact gcagctctca gctagctgat ctttataaga gctgtgagac agatgctctt 960
atcaacttct ttgccaagtc agcttttaaa gcagttctcc accagccttt gaaggctatc1020
cgggaaattc tagttaatca gactgcccac atgttggcat gttaccggaa gaattgtgca1080
agtccttctg cagcaagcca gcttattcta ccagattcca tgaaagtatt gccagtgtac1140
atgaattgct tgttgaaaaa ctgtgtacta ctgagcagac cagagatctc aactgatgaal200
40 cgagcatacc agagacagct ggtcatgacc atgggtgtgg ctgactctca gcttttcttc1260
taccacaaac ttctgcccac acacacgtta gatgtcaaga gtacaatgtt acctgctgcc1320
gttcgttgct ctgagtcacc tctttcagaa gaaggaatat tcttactggc taatggctctal380
cacatgttcc tgtggttggg agtaagcagc ccaccagaac tgatccaagg aatatttaatl440
gtgccatctt ttgcacatat caacacagat atgacattgc tgcctgaagt gggaaaccca1500
45 tactctcaac aactcagaat gataatgggt attatccaac aaaagaggcc atattcaatg1560
aagctcaciaa ttgtaaagca gcgagaacaa ccagaaatgg ttttccgaca gttcctggta1620
gaagacaaag gactttacgg aggtcttctt tatgtggatt tcctttgttg tgttcacaag1680
gagatctgtc agctgcttaa ttaattggaa actccccggg caatggaggt tgcgttgcca1740
gggggggaaa agcccccttt tggggcccaa atttgccagg gggaaaaag 1789

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2361 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```
20  gggccagccg gctcgcccg gggccatggc agcagcggct actgcagccg agggggtccc 60
    cagtcggggg cctcccgggg aagtcattcca tctgaatgtg ggaggcaaga gattcagtac 120
    ctctcgccag actctcacct ggatcccaga ctcttcttcc tccagtcttc tgagcggacg 180
    catctcgacg ctgaaagatg agaccggagc aatcttcacg gacagggacc ctacagtctt 240
    cgccccatc ctcaacttcc tgcgcaccaa agagttggat cccaggggtg tccacggttc 300
    cagcctcctc catgaagccc agttctatgg gctcactcct ctggttcgtc gcctgcagct 360
25  tcgagaggag ttggatcgat cttcttgtgg aaacgtcctc ttcaatgggtt acctgccgcc 420
    accagtgttc ccagtgaagc ggcggaaccg gcacagccta gtggggcctc agcagctagg 480
    aggacggcca gccctgtcc gacggagcaa cacgatgcc cccaaccttg gcaatgcagg 540
    gctcgtgggc cgaatgctgg atgagaaaac ccctccctca ccctcaggac aacctgagga 600
    gccggggatg gtgagcctgg tgtgtggaca ccataattgg atcgtgtgg cctataccca 660
30  gtttctagtc tgctacaggt tgaaggaagc ctctggcggg cagctggtgt tttccagccc 720
    ccgcttgac tggtccatgc gaacgactgg cgcttcacag cccgggtgca tgggtgggct 780
    ttgggtgaac atgacaagat ggtggcagca gccaccggca gcgagatcct gctatgggct 840
    ctgcaggcgg aaggcgggtg ctccgagata ggggtcttcc atctgggggt gcctgtggag 900
    gccttgttct tcgtcgggaa ccagctcatt gctacaagcc acacagggcg catcgggggtg 960
35  tggaatgcgc tcaccaagca ctggcaggtc caggaggtgc agcccatcac cagttatgac1020
    gcggcaggct ccttcctcct cctgggctgc aacaacggct ccatttacta cgtggatgtg1080
    cagaagtctc ccttgccgat gaaagacaac gacctccttg tcagcgagct ctatcgggac1140
    ccagcggagg atggggtcac cgccctcagt gtctacctca ccccaagac cagtacagt1200
    gggaactgga tcgagatcgc ctatggcacc agctcagggt gcgtgcgggt catcgtgcag1260
40  caccgggaga ctgtgggctc ggggcctcag ctcttcacga ccttactgt gcaccgcagc1320
    cctgtcacca agatcatgct gtcggagaag cacctcatct cagtctgtgc cgacaacaac1380
    cagctgcgga catggtctgt gactcgcttc cgcgcatga tttccacca gcccggtcc1440
    accccactcg cttcctttta gatcctggct ctggagtcgg cagatgggca tggcggtgc1500
    agtgctggca atgacattgg cccctacggt gagcgggacg accagcaagt gttcatccag1560
45  aagggtgtgc ccagtccag ccagctcttc gtgctctct catctactgg gcagcgggtg1620
    tgctccgtgc gctccgtgga cggctcacc acgacagcct tcacagtgt ggagtgcag1680
    ggctcccggc ggctcggttc tcggccccgg cgctacctgc tactggcca ggccaacggc1740
    agcttggcca tgtgggacct aaccaccgcc atggacggcc tcggccaggc cctgcaggt1800
    ggcctgacgg agcaagagct gatggaacag ttggaacact gtgagctggc ccccggtct1860
50  ccttcagctc cctcatggg ctgtctcccc agccctcac ccccatctc cctcaccagc1920
    ctccactcag cctccagcaa cacctccttg tctggccacc gtgggagccc aagccccccg1980
    caggctgagg cccggcgccg tgggtggggc agcttctgtg aacgtgcca ggaactggtg2040
    cggagtgggc cagacctccg acggccaccc acaccagccc cgtggccctc cagcgggtct2100
    ggcaactccc tcacacctcc caagatgaag ctcaatgaaa cttccttttg aacaacgcag2160
55  ctgccatgat gccttgggat gccctggtcc tgggggactc aggtgcctcc ctgattcctg2220
    tgggaacccc ggggttcaggg ccagggcctc ctggaataa atggttattg ttactaggtc2280
    cccaccttcc ctctttcttg gaagccaaag tcaccctccc caataaagtc ctcactgccca2340
    aaaaaaaaaa aaaaaaaccc g 2361
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1638 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

25

ggctgcggat ttccgccgaa atcccggaa tgacagcttt gggggtttgc tgctggtct 60
 gactcccgtc ctgcgatggg ttgcgacggg ggaacaatcc ccaagaggca tgaactggtg 120
 aaggggccga agaaggttga gaaggtcgac aaagatgctg aattagtggc ccaatggaac 180
 tattgtactc taagtcagga aatattaaga cgaccaatag ttgcctgtga acttggcaga 240
 30 ctttataaca aagatgccgt cattgaattt ctcttgaca aatctgcaga aaaggctctt 300
 gggaaggcag catctcacat taaaagcatt aagaatgtga cagagctgaa gctttctgat 360
 aatcctgcct gggaagggga taaaggaaac actaaagggtg acaagcacga tgacctccag 420
 cgggcgcgtt tcatctgccc cgttgtgggc ctggagatga acggccgaca caggttctgc 480
 ttccctcggg gctgcggctg tgtgttttct gagcgagcct tgaaagagat aaaagcggaa 540
 35 gtttgccaca cgtgtggggc tgccttccag gaggatgatg tcatcgtgct caatggcacc 600
 aaggaggatg tggacgtgct gaagacaagg atggaggaga gaaggctgag agcgaattgg 660
 aaaagaaaac aaagaaacc aaggcagcag agtctgtttc aaaaccagat gtcagtgaag 720
 aagccccagg gccatcaaaa gttaagacag ggaagcctga agaagccagc cttgattcta 780
 gagagaagaa aaccaacttg gctcccaaaa gcacagcaat gaatgagagc tcttctggaa 840
 40 aagctgggaa gcctccgtgt ggagccacaa agagggtccat cgctgacagt gaagaatcgg 900
 aggcctacaa gtccctcttt accactcaca gtcctcgcaa gcgctccaag gaggagtctg 960
 cccactgggt caccacacag tcctactgct tctgaagccc gactgccac cgctcctgcc 1020
 ccagaaggtt gtttagtttc cacgtaggca ggtcgctttg tgcctctgag tgcgctgctg 1080
 tgtgttctct ctatagttct gtgtcataaa gctgtcctgg ccagccttca agctggtgtg 1140
 45 gccactcttg atgtgaggcg tgtcggttcc aggggggaca tgggaggggc tgcacagtgg 1200
 ccgaggttca tgcttgcttc cacctgcagg tgcatttggt cctttccatg gccaggaagc 1260
 cctgtgggct gcacttttta tgcttgacgt aacaagagac tccagagtc tcaccggtgc 1320
 agagttggca catattaatt aactaaaatt ctaatgatct tgctaccagc aataaatcaa 1380
 gtaggccaa tgaaactggg ctttaaaaag gatggatttc aaatacactg tgcccactag 1440
 50 aagcttcgaa gggcctcgct cctctgctac agccctggga ggagccagga tccttggttg 1500
 tctagctaaa tactgttagg ggagtgtgcc ccattctcat atttcgaaga tagcagagtc 1560
 atagttgggc acccggtgat tgggttcaaa aataaagctg gtctgcctct tcaaaaaaaa 1620
 aaaaaaaaa aaaaaaaa 1638

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1034 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

```

25 cgccctgcgcg ctgagtgcgt gccgctccgc cgaccgaaga ggctggacat gacaccagtg 60
   gcatatcacg gccatggggt ctcagcattc cgctgctgct cgccccctct cctgcaggcg 120
   aaagcaagaa gatgacaggg acggtttgct ggctgaacga gagcaggaag aagccattgc 180
   tcagttccca tatgtggaat tcaccgggag agatagcatc acctgtctca cgtgccaggg 240
   gacaggctac attccaacag agcaagtaaa tgagttggtg gctttgatcc cacacagtga 300
   tcagagattg cgccctcagc gaactaagca atatgtctc ctgtccatcc tgctttgtct 360
30 cctggcatct ggtttggtgg ttttcttcct gtttcgcat tcagtccttg tggatgatga 420
   cggcatcaaa gtggtgaaag tcacatttaa taagcaagac tcccttgtaa ttctcaccat 480
   catggccacc ctgaaaatca ggaactccaa cttctacacg gtggcagtga ccagcctgtc 540
   cagccagatt cagtacatga acacagtggg gaattttacc gggaaggccg agatgggagg 600
   accgttttcc tatgtgtact tcttctgcac ggtacctgag atcctgggtc acaacatagt 660
35 gatcttcatg cgaacttcag tgaagatttc atacattggc ctcatgaccc agagctcctt 720
   ggagacacat cactatgtgg attgtggagg aaattccaca gctatttaac aactgctatt 780
   ggttcttcca cacagcgcct gtagaagaga gcacagcata tgttcccaag gcctgagttc 840
   tgggacctac cccacgtgg gtgttaaggc agaggggaag aattggttca ctttaacttc 900
   ccaggcaaac attcctcctg gccacttagg gagggaaaca ccttcctat gggttaccat 960
40 ttgttgtttg ttcaggaacc aggcggattc agttgcctag gcgtgttgcc ccagcaatta 1020
   gtttggcat tgca                                     1034

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 947 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

```
15 cgaggccctg gcatgtgcaa agagtactga gtgggattcc cagcaggata ccatcaagta 60
ctacaccatg cacctgacca cattgtgcaa cacgtgattg gacaacccaa cccagagaaa120
caaggatcag ctgatccggg cagccgtgaa gtttctggac accgacacca tctgctacag180
ggtggaggag cccgagacat tagtggaact tcaaaggaaat gagtgggac caatcatcga240
atgggctgag aaaagatacg gcgtggagat cagctcctcc accagcataa tgggacccag300
catccctgcc aaaactcggg aggtgctcgt cagccacctg gcatcttaca acacatgggc360
20 tttacaaggg attgagtttg tagctgcca gctcaagtc atggtgctaa ccttgggcct420
gattgacctg cgcctgacag tggagcaggc cgtgctgctg tcacgcctgg aggaggagta480
ccagatccag aagtggggca acattgagtg ggcccatgac tatgagctgc aggagctgcg540
ggcccgacc gccgccgca ccctcttcat ccctctctgc tccgagagca ccacagtcaa600
gcacaagctc ctgaaggagt gaggcctggg cagagcacac tcagcaggat agaggcagtg660
25 cagccacagc tcccccgcc ttcagggtc cccagcctgt ggggctggct tccttggcct720
ttggggactc ggctcagcg tcacctgag attcccccg agacacagt cgctagtacg780
gctgtccgga ggtcagcctg atttcaaccc aggtgcccct ggctggcca gcagtgaatg840
taggagatga attgtgcaag tgactttctc tcgactctga ttttattaaa tatttctcca900
ccctggaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 947
30
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
35 (A) LÄNGE: 497 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

ctcgtggcga gagactgaga taaaagagca actcactgaa cacctttgta cgatcataca 60
gcaaaatgag ctccgaaagg ccaagaagtt ggaggagttg atgcaacaac tagatgtaga120
agccgatgaa gagacttttg agcttgaggt ggaggtcgag agattgctac acgaacaaga180
5 agtagaatca aggagaccag tggttcgttt agagaggcca tttcagcctg cggaggagag240
tgtgacatta gaatttgcta aagagaacag aaagtgtcaa gaacaagctg tttcccaaaa300
ggtagatgac cagtgtggaa attccagtag catccccctt cttagtccaa actgccccaa360
tcaagaaggt aatgacattt cagctgcttt ggccacatga agttctggta ttcttttgag420
ctaatatggt attgagtaaa gtatactttt tgcagtagat catgccctga cctccaataa480
10 aaacctcttt aaaacaa 497

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 269 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

cggggagagg tgggctgggc tgcaggctct ggcgttgtgc tggatcatcg cgcccgact 60
ctgaagtctt ctccgtggcg ctccctgaga ggggttcctc ctgcatcttg agaatacttt120
gcatttcggc tcccttctct tctcgtgccc atcggatgcc ccaaataggt cctgtcccct180
40 cggtgaatca gacttcggaa accgcctcgc ttcagggtca gagtccaagt acagatgagc240
ttgagaggga ttctgaaatg caacggccc 269

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1717 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```
attctaggac caacactcct gtggagacgt ggaaggttc caaaggcaaa cagtcctata 60
15 cctacatcat tgaggagaac actaccacga gcttcacctg ggccctccag aggaccactt 120
ttcatgagga aagcaggaag tacaccaatg acgttgccaa gatctactcc atcaatgtca 180
ccaatgttat gaatggcgtg gcctcctact gccgtccctg tgccctagaa gcctctgatg 240
tgggctcctc ctgcacctct tgcctgctg gttactatat tgaccgagat tcaggaacct 300
gccactcctg ccccccctaac acaattctga aagcccacca gccttatggg gtccaggcct 360
20 gtgtgccctg tgggtccagg accaagaaca acaagatcca ctctctgtgc tacaatgatt 420
gcaccttctc acgcaacact ccaaccagga ctttcaacta caacttctcc gctttggcaa 480
acaccgtcac tcttgctgga gggccaagct tcacttccaa agggttgaaa tacttccatc 540
actttaccct cagtctctgt ggaaaccagg gtaggaaaat gtctgtgtgc accgacaatg 600
tactgacct ccgattcct gaggtgagt cagggttctc caaatctatc acagcctacg 660
25 tctgccaggc agtcatcatc ccccagagg tgacaggcta caaggccggg gtttcctcac 720
agcctgtcag ccttgctgat cgacttattg gggtgacaac agatatgact ctggatggaa 780
tcacctcccc agctgaactt ttccacctgg agtccttggg aataccggac gtgatcttct 840
tttataggtc caatgatgtg acccagtcct gcagttctgg gagatcaacc accatccgcg 900
tcagggtcag tccacagaaa actgtccctg gaagtttgct gctgccagga acgtgctcag 960
30 atgggacctg tgatggctgc aacttccact tcctgtggga gagcgcggt gcttgcccgc 1020
tctgctcagt ggctgactac catgctatcg tcagcagctg tgtggctggg atccagaaga 1080
ctacttacgt gtggcgagaa cccaagctat gctctgggtg catttctctg cctgagcaga 1140
gagtcaccat ctgcaaaaacc atagatttct gggtgaaagt gggcatctct gcaggcacct 1200
gtactgccat cctgctcacc gtcttgacct gctacttttg gaaaaagaat caaaaactag 1260
35 agtacaagta ctccaagctg gtgatgaatg ctactctcaa ggactgtgac ctgccagcag 1320
ctgacagctg cgccatcatg gaaggcgagg atgtagagga cgacctcatc tttaccagca 1380
agaagtcaat ctttggaag atcaaatcat ttacctcaa gaggactcct gatggatttg 1440
actcagtgcc gctgaagaca tcctcaggag gccagacat ggacctgtga gaggcactgc 1500
ctgcctcacc tgctcctca ccttgcatag cacttttgca agcctgcggc gatttgggtg 1560
40 ccagcatcct gcaacaccca ctgctggaat tctcttcatt gtggccttat cagatgtttg 1620
aatctcagat ctttttttat agagtaccca aacctcctt tctgcttgcc tcaaacctgc 1680
caaatatacc cacactttgt ttgtaaatta aaaaaaa 1717
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1419 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

```
ggcagaggtta ttacctgaaa acttaaaaga aggcctgaag gaatcttcct ggagttcatt 60
accatgtact aaaaacagac cttttgattt tcattcagtg atggaagagt ctcaagtctct 120
caatgaacct agcccaaagc agagtgaaga aataccagag gtcacttcag agcctgtcaa 180
15 aggaagctta aaccgtgctc agtcagcaca gtctataaat tcaacagaaa tgcctgccag 240
agaggactgt ttgaaaaaag agtgccctca gaacctgttc tgtcagttca agaaaaaggt 300
gttctgctga aaagaaaagt gtctctttta gaacaggatg tgattgtaaa tgaagatgga 360
agaaataagc tgaaaaaaca aggagaaact cccaatgaag tctgtatgtt ttccttagct 420
tatgggtgata ttccagaaga attaatcgat gtctcagatt tcgagtggtc tctctgcatg 480
20 aggttggttt ttgagccagt aacaaccctc tgcggacatt cgttctgtaa gaattgtctt 540
gagcgttggt tagatcatgc accatattgt cctctttgca aagaaagctt aaaagagtat 600
ctagcagata ggaggtactg tgtcacacag ctggttgaag gaattaatag tgaagtatct 660
gcctgatgaa ctgtctgaga gaaaaaaaaat atatgatgaa gaaactgctg aactctcaca 720
cttgaccaag aatgttccaa tatgtgtttg cactatggcc taccctactg tgccttgccc 780
25 tctccatgta tttagagcaa gatacagatt gatgattcga agaagtatac agactggaac 840
caaacagttt ggcattgtgt tcagtgtatc acaaaatagt tttgcagatt atggttgtat 900
gttacaaatt agaaacgtgc atttcttacc ggacggaagg tctgtggttg atacagttgg 960
aggaaagcgg tttagggttt taaaaagagg aatgaaagat ggatattgca ctgccgacat1020
tgaatatctg gaagatgtta aggttgagaa tgaagatgag attaagaatc tcagagagct1080
30 tcatgatttg gtttactctc aagcctgcag ctggtttcag aatttaagag acagatttcg1140
aagccaaatt cttcagcatt tcggatcaat gcccgagagg agggaaaacc ttcaggcagc1200
ccctaattgga cctgcatggt gttggtggct tcttgagtt ctccctgtag acccagata1260
ccagctgtcg gttttgtcaa tgaagtcttt gaaagaacgg ttgaccaaga tacagcatat1320
actgacctat ttttctagag accaattcta agtaactaac tctttgggat cttccctttg1380
35 aaagttgacc cctaattctt gggtgccat ttggttggg 1419
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40 (A) LÄNGE: 671 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

5
agcgcggtga agcgggggtg ggatctgaac atggcggcgg tggtagctgc tacggcgctg 60
aaggggccggg gggcgagaaa tgcccgcgtc ctccggggga ttctcgcagg agccacagct120
aacaaggctt ctcataacag gaccggggcc ctgcaaagcc acagctcccc agagggcaag180
gaggaacctg aaccctatc cccggagctg gaatacattc ccagaaagag gggcaagaac240
10 cccatgaaag ctgtgggact ggctggggc atcggcttcc cttgtggtat cctcctcttc300
atcctcacca agcgggaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaaggc tcggcagaac360
atgcggttgt ccaacacggg cgagtatgag agccagaggt tcagggttc ctcccagagt420
gccccgtccc ctgatgttg gtctgggtg cagacctgag gagcgctgc accctcctag480
gctattgact gttaagtcct caggtttggc ccagattcca gttcgtgcct ctgaggtcca540
15 ccagagggcg catgaagccc aggtgtgtgc caaacctac cctgccccac accaaggagc600
ccaccaaagg caataaagt tattgagtgt ttagtagaaa ggaaaaaaaa aaaaaaaaaa660
aaaagtcgac c 671

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 524 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:14

aagtgttctc agatgctgat gtttgtaagg tcccgggtgg gccatgagga agaagaggag 60
45 ctgaaggtaa gagactcata aacaagatga ctctttgatg catgaacaag atttgaaaat120
ctcaagcctg taaagaatac ccctgctatt taaataaagc tcataccaag aggtaacatt180
ttgccccggg ccaaatcag ggtctagtg ccctgcattc ctttgaggca aaaaataaat240
gggctatgac tggttaaatg tccaaaaggt gaattctcat ttcatcaca caaagacaga300
tttgcgcat cactcaagca gaatgtggcc atgaatatc agcccctgca tacatacaaa360
gatgtacgca tgattcccc caccaagcac acacacagtc acacacgcac acacacacac420
50 atgcacacac gcgcgtgcac acacggacac atgcacacac acacgcacac gtaaacacat480
gcacacatgc acacacgtgc acacatgcac acacggacac actt 524

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 345 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```
aaactttctt tctacaaaa atcaaaagct tagctgatag atcatgaaaa tagattatga 60
acagtgaaat tcctgagaag gctgaaagt cggggaacca aagcagggga gattagcctt120
agtccggagg agggagaagc agatggaagt cagcagcctg ccttgttttt acgtgtaata180
tttaaatttg caaattgtat tacaggagg cctactttct gtttttatca agagtttttc240
ttttgttcaa agacactggt tatgggaata ttttgaaagg gtaagaaacg ctggtataaa300
aagggtgttc agattaattt tgaaggctct tacggaacca gtccc 345
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1060 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```

5  ggcggtccca ggcaggccca gaagctgggc agcctctgcc gggttccggg aaaaggagct 60
   cctgctgccca ctgctcttcc ggagcctgca gcatggggcc cctgccgcgc accgtggagc 120
   tcttctatga cgtgctgtcc ccctactcct ggctgggctt cgagatcctg tgccgggtatc 180
   agaatatctg gaacatcaac ctgcagttgc ggccagcct cataacaggg atcatgaaag 240
   acagtggaaa caagcctcca ggtctgttcc cccgcaaagg actatacatg gcaaatgact 300
   taaagctcct gagacaccat ctccagattc ccatccactt cccaaggat ttcttgtctg 360
   tgatgcttga aaaaggaagt ttgtctgccca tgcgtttcct caccgcctg aacttggagc 420
10 atccagagat gctggagaaa gcgtcccggg agctgtggat gcgcgtctgg tcaaggaaatg 480
   aagacatcac cgagccgcag agcatcctgg cggtgcaga gaaggctggg atgtctgcag 540
   aacaagccca gggacttctg gaaaagatcg caacgcaaaa ggtgaagaac cagctcaagg 600
   agaccactga ggcagcctgc agatacggag cctttgggct gccatcacc gtggcccatg 660
   tggatggcca aaccacatg ttatttggct ctgaccggat ggagctgctg gcgcacctg 720
15 tgggagagaa gtggatgggc cctatacctc cagccgtgaa tgccagactt taagattgcc 780
   cggaggaagc aaactcttcg tataaaaaaa gcaggccatc tgcttaacct ttggctccac 840
   cataaggcac tgggactcgg atttctctat ctgatagagg tattttctgt ggccctggga 900
   gctgtctgtc tttcccctac cccaaggat gccaggaaga cgtccaccat tagccatgtg 960
   gcaaccttta cttctatgcc tcacaagtgc ctttcagaga gcccgaattc tgctttccca 1020
20 caaataaac ctaatgccat caggcaaaaa aaaaaaaaaa 1060

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 1721 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

```

45 ctctctctct ttctgtctct tctcgtctcc ctctctttct ctctccctc tgccttccca 60
   gtgcataaag tctctgtcgc tcccggaact tgttggcaat gcctattttt tggttttccc 120
   ccgcgttctc taaactaact atttaaaggt ctgcggtcgc aaatggtttg actaaacgta 180
   ggatgggact taagttgaac ggcagatata ttctactgat cctcgcggtg caaatagcgt 240
50 atctggtgca ggccgtgaga gcagcgggca agtgcgatgc ggtcttcaag ggcttttcgg 300
   actgtttgct caagctgggc gacacatggc caactaccg caggcctgga cgacaagacg 360
   aacatcaaga ccgtgtgcac atactgggag gatttccaca gctgcacggt cacagccctt 420
   acggattgcc aggaaggggc gaaagatatg tgggataaac tgagaaaaga atccaaaaac 480
   ctcaacatcc aaggcagctt attcgaactc tgcggcagcg gcaacggggc ggccgggtcc 540
55 ctgctcccgg cgttcccggg gctcctgggt tctctctcgg cagcttttagc gacctggctt 600
   tccttctgag cgtggggcca gctccccccg cgcgccacc cacactcact ccatgctccc 660

```

ggaaatcgag aggaagatcc attagttctt tggggacgtt gtgattctct gtgatgctga 720
 aaacactcat ataggattgt gggaaatcct gattctcttt tttatttcgt ttgatttctt 780
 gtgttttatt tgccaaatgt taccaatcag tgagcaagca agcacagcca aaatcggacc 840
 tcagcttttag tccgtcttca cacacaaata agaaaacggc aaaccacccc cattttttta 900
 5 ttttattatt attaatTTTT tttgttgcca aaagaatctc aggaacggcc ctggggccacc 960
 tactatatta atcatgctag taacatgaaa aatgatgggc tcctcctaata aggaaggcga1020
 ggagaggaga aggccagggg aatgaattca agagagatgt ccacggacga aacatacgggt1080
 gaataattca cgctcacgtc gttcttcac agtatcttgt tttgatcatt tccactgcac1140
 atttctcctc aagaaaagcg aaaggacaga ctgttggtt tgtgtttgga ggataggagg1200
 10 gagagaggga aggggctgag gaaatctctg gggtaagagt aaaggcttcc agaagacatg1260
 ctgctatggt cactgagggg tttagctttat ctgctgttgt tgatgcatcc gtccaagttc1320
 actgccttta ttttccctcc tccctcttgt ttttagctgt acacacacag taatacctga1380
 atatccaacg gtatagatca caagggggg atgttaaag ttaatctaaa atatagctaa1440
 aaaaagattt tgacataaaa gagccttgat tttaaaaaaa aaagagagag agatgtaatt1500
 15 taaaaagttt attataaatt aaattcagca aaaaaagatt tgctacaaag tatagagaag1560
 tataaaaataa aagttattgt ttgaaaaaaa agtgctgttt gtttcctacc ccaacctgct1620
 ttcttgaccc agttctcagg gaacctgaag ggacacagga tgccggtgat aagctcacct1680
 cttcaggaag ccgcttcaag cagacctgcc accttcaagc a 1721

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2367 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 25 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

acctgtggt cccgggttcc tgcagagtct acttcagaag cggaggcact gggagtccgg 60
 45 tttgggattg ccaggctgtg gttgtgagtc tgagcttgtg agcggctgtg gcgccccaac 120
 tcttcgccag catatcatcc cggcaggcga taaactacat tcagttgagt ctgcaagact 180
 gggagggaact ggggtgataa gaaatctatt cactgtcaag gtttattgaa gtcaaaatgt 240
 ccaaaaaaat cagtggcggg tctgtggtag agatgcaagg agatgaaatg acacgaatca 300
 tttgggaatt gattaaagag aaactcattt ttccctacgt ggaattggat ctacatagct 360
 50 atgatttagg catagagaat cgtgatgcca ccaacgacca agtcaccaag gatgctgcag 420
 aagctataaa gaagcataat gttggcgta aatgtgccac tatcactcct gatgagaaga 480
 ggggtgagga gttcaagttg aaacaaatgt ggaaatcacc aaatggcacc atacgaaata 540
 ttctgggttg cacggtcttc agagaagcca ttatctgcaa aaatatcccc cggcttgtga 600
 gtggatgggt aaaacctatc atcataggtc gtcatgctta tggggatcaa tacagagcaa 660
 55 ctgattttgt tgttcctggg cctggaaaag tagagataac ctacacacca agtgacggaa 720
 cccaaaaggt gacatacctg gtacataact ttgaagaagg tgggtggtgt gccatgggga 780
 tgtataatca agataagtca attgaagatt ttgcacacag ttccttccaa atggctctgt 840

```

ctaagggttg gcctttgtat ctgagcacca aaaacactat tctgaagaaa tatgatgggc 900
gttttaaaaga catctttcag gagatatatg acaagcagta caagtcccag tttgaagctc 960
aaaagatctg gtatgagcat aggtcatcag acgacatggt ggccaagct atgaaatcag1020
agggaggctt catctgggcc tgtaaaaact atgatggtga cgtgcagtcg gactctgtgg1080
5 cccaagggtta tggctctctc ggcatgatga ccagcgtgct ggtttgtcca gatggcaagall140
cagtagaagc agaggctgcc cacgggactg taaccgctca ctaccgcatg taccagaaag1200
gacaggagac gtccaccaat cccattgctt ccatttttgc ctggaccaga gggttagccc1260
acagagcaaa gcttgataac aataaagagc ttgaccttctt tgcaaatgct ttggaagaag1320
tctctattga gacaattgag gctggcttca tgaccaagga cttggctgct tgcattaaag1380
10 gtttacccaa tgtgcaacgt tctgactact tgaatacatt tgagtccatg gataaacttg1440
gagaaaactt gaagatcaaâ ctagctcagg ccaaacttta agttcatacc tgagctaaga1500
aggataattg tcttttggtâ actaggtcta cagggtttaca tttttctgtg ttactactcaa1560
ggataaaggc aaaatcaatt ttgtaatttg tttagaagcc agagtttatc ttttctataa1620
gtttacagcc tttttcttat atatacagtt attgccacct ttgtgaacat ggcaagggacl1680
15 ttttttacaâ tttttatttt attttctagt accagcctag gaattcgggtt agtactcatt1740
tgtattcaact gtcacttttt ctcattgttct aattataaat gaccaaatac aagattgctc1800
aaaagggtta atgatagcca cagtattgct ccctaaaata tgcataaagt agaaattcac1860
tgccttcccc tcctgtccat gaccttgggc acagggaagt tctggtgtca tagatatccc1920
gttttgtgag gtagagctgt gcattaaact tgcacatgac tggaacgaag tatgagtga1980
20 actcaaatgt gttgaagata ctgcagtcat ttttgtaaag accttgctga atgtttccaa2040
tagactaaat actgttttag ccgcaggaga gtttgaatc cggaataaat actacctgga2100
ggtttgcctt ctcatttttt ctctttctcc tcctggcctg gcctgaatat tatactactc2160
taaatagcat atttcatcca agtgcaataa tgtaagctga atcttttttg gacttctgct2220
ggcctgtttt atttctttta tataaatgtg atttctcaga aattgatatt aaacactatc2280
25 ttatcttctc ctgaactgtt gattttaatt aaaattaagt gctaattacc attaaaaaaa2340
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 2367

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1321 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

cctggaaaca agatccaaac ccaagtgacc ccgccggaaa gtgaccagct caggttttaa 60
aattccaaca aaccgacgtg aacaaataga ccgaccaacc aaatatacaa tccgtcaaaa 120
tacattcact tccactacga aacccaaca aagggtgtga atgcccgccc aggagagacg 180
55 gttttggttt catcaagtgt gtggatcgtg atgttcgtat gttcttcac ttcagtgaâ 240
ttctggatgg gaaccagctc catattgcag atgaagtaga gtttactgtg gttcctgata 300
tgctctctgc tcaaagaaat catgctatta ggattaaaaa acttcccaag ggcacgggtt 360

```

```

catttcattc ccattcagat caccgttttc tgggcacggt agaaaaagaa gccacttttt 420
ccaatcctaa aaccactagc ccaaataaag gcaaagagaa ggaggctgag gatggcatta 480
ttgcttatga tgactgtggg gtgaaactga ctattgcttt tcaagccaag gatgtggaag 540
gatctacttc tcctcaaata ggagataagg ttgaatttag tattagtac aaacagaggc 600
5 ctggacagca ggttgcaact tgtgtgcgac ttttaggtcg taattctaac tccaagaggc 660
tcttgggtta tgtggcaact ctgaaggata attttggtt tattgaaaca gccaatcatg 720
ataaggaaat ctttttccat tacagtgagt tctctggtga tgttgatagc ctggaactgg 780
gggacatggg cgagtatagc ttgtccaaag gcaaaggcaa caaagtcagt gcagaaaaag 840
tgaacaaaaac acactcagtg aatggcatta ctgaggaagc tgatcccacc atttactctg 900
10 gcaaagtaat tcgccccctg aggagtgttg atccaacaca gactgagtac caaggaatga 960
ttgagattgt ggaggagggc gatatgaaag gtgaggtcta tccatttggc atcggtggga1020
tggccaacaa aggggattgc ctgcagaaag gggagagcgt caagttccaa ttgtgtgtcc1080
tgggcaaaaa tgcacaaact atggcttaca acatcacacc cctgcgcagg gccacagtgg1140
aatgtgtgaa agatcagttt ggcttcatta actatgaagt aggagatagc aagaagctct1200
15 ttttccatgt gaaagaagtt caggatggca ttgagctaca ggcaggagat gaggtggagt1260
ctcagtgat tcctaagagt tcaggcggac tggcagggtc aggcgcctgt agatgttttg1320
g 1321

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 384 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20

```

45 ggtcgaatcc aaatcactca ttgtgaaagc tgagctcaca gccgaataag ccaccatgag 60
gctgtcagtg tgtctcctga tgggtctcgt ggccctttgc tgctaccagg cccatgctct120
tgtctgcca gctgttgctt ctgagatcac agtcttctta ttcttaagt acgtgcgg180
aaacctccaa gttgccaaac ttaatccacc tccagaagct cttgcagcca agttggaagt240
gaagcactgc accgatcaga tatcttttaa gaaacggctt ctcatgtgaa aaagtcctgg300
gtgggaatag tgaaaaaatg tgggtgtgtg acatgtaaaa atgctcaacc tgggtttcca360
50 aagtcttttc aacggcaacc tgat 384

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 367 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

20 gggcactggt ggtccggttc ctcaccaaac gattcatcgg tgactatgaa agaaatgcag 60
gtaatctcta tactagacaa gttcagatag aaggtgaaac cctggctctt caggttcaag120
acactccagg tattcaggtc catgagaaca gcctgagctg cagtgaacag ctgaataggt180
gcattcgctg ggcagatgct gtgggtgatcg ttttctccat cactgactac aagagctatg240
25 aactcatcag ccagctccac cagcacgtgc agcagctaca ccttgggcac ccggctgcct300
gtgggtggtc gtgggccaac aaaagtgacc tgttgcacat caaacagggt gaccctcagc360
ttggact

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2621 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

5 gggcctttgc cgccttggc ggccggtctc acgttccctg ttctgcctg cagctccgcc 60
 atggctccta aaggcagctc caaacagcag tctgaggagg acctgctcct gcaggatttc 120
 agccgcaatc tctcggccaa gtcctccgcg ctcttcttcg gaaacgcgtt catcgtgtct 180
 gccatcccca tctggttata ctggcgaata tggcatatgg atcttattca gtctgtgtt 240
 10 ttgtatagtg tgatgaccct agtaagcaca tatttggtag cctttgcata caagaatgtg 300
 aaatttgttc tcaagcacaa agtagcacag aagagggagg atgctgtttc caaagaagtg 360
 actcgaaaac tttctgaagc tgataataga aagatgtctc ggaaggagaa agatgaaaga 420
 atcttgtgga agaagaatga agttgtgat tatgaagcta caacattttc catcttctat 480
 aacaacactc tgttcctggt cgtggtcatt gttgcttcct tcttcatatt gaagaacttc 540
 15 aacccccacag tgaactacat attgtccata agtgcttcac caggactcat cgcctcctg 600
 tctactggct ccaaatagac catgtcagct tcacccctg gctttgtgtc tatgggtggc 660
 ctgtgtgata tggaaaagta gcagggtggg caggggtggg gacacaagat gtttttatag 720
 tctagagcct ttaaaaaacc cagcagaatg taattcagta tttgtttatt ggctgtttt 780
 tgacagattg ttgaaattaa atgaattgaa agggaaactc agagtactag gacgtttatt 840
 20 aaaaggaaaa aaatgtcttg caatgtgtg taatcacaag aggagaaaaa aactgtttc 900
 cttgatctgt cagaggcac agtaacctgg gccgagctgt tattatttat tatataatag 960
 tagtaggaag ttaataactg gttctctgtg ttccaagcac aatattacaa cttcttttga 1020
 accgtaataa tcagaatgaa tcctcttccc aggggattga acagaagctt aatgtttaca 1080
 agtgtttgaa tttgtgatct gaaataacac aaaattaaaa acatgatttc tctaattttc 1140
 25 caactagagg aagagaaact tgtggaaaag ttctttttt ttcgtttttt tttcttaaag 1200
 aagggcagcc aaggtagtaa cctaaaaata gtgccagggc atatgagagt tgcctacga 1260
 ggtaaaagaa cacactgttc cactgtatgg ctttggccct gagtggccag ggaggtcaac 1320
 ttgaccctgc catgttgggt tgacttacta agacacagga atcattgttt tccttgacca 1380
 gggctctaca ccctggagga atgttaagta agagaaagaa cctctttcct gaatattgac 1440
 30 atgtaaaaga ccaaagtaat ttttctgaac ttctgcaatt ctgagaactc tccaaggaat 1500
 ttacagtgat tttagtgtt gtcagcattt ttccatgagg actttcatatc atttgactct 1560
 ttagttcaca ggttccatt gattgtgagc aagatatatta tctcttttagc ccttggggat 1620
 ccagctgaga gcaatctctt gcattttttt acccgtgtat gtacagatat catttcttgt 1680
 gtatgccatg acttgaaaaa gtttgggaag ctcttttagca atatcagcta aaaggatatg 1740
 35 aaatcacagg tgatagcagt tgtcattcag taatttctta caagcagcac ccaaaggaa 1800
 atatagtctt aatctttact atccacttct aaatttaagt tgaatttcat acatgttatt 1860
 agttgttttc tttataattt tataaaaaatt attcatcggg agtttaactt ccacttccat 1920
 gctatcggat gtgttgggct ccatgcaaga acttggaga aaaacaggca ggaatgcatt 1980
 tgcataatga ccagatcat cattttctgc aactgagaat tatatttcat cattgcttct 2040
 40 agaagtctgc aattctttac ttttctttgg tgcattatta tctaggtgcc atcactggat 2100
 aatgtggagt gactagagaa gtcacataac actgtaagg acagttagg taacacttta 2160
 gaggtttatt atttttaaaa aacttttctt gaactcctgg ccaacatggg gaaacccctg 2220
 ctctactaaa aataccaaaa ttagccaggc gtgatgggtg gtgcctgtaa tctcagctac 2280
 ttgggaggct gaagcaggag aactgcctga acccaggagg cagaggttgc agtgagtcga 2340
 gatcgtgcta ctactgcctg ggtggcaagg gtgagactcc atctcaaaaa agaaacaaaa 2400
 45 aaacccaaaa agttttcttt actgttggtt aaaaaaaaaa gccagaccat agtttgactg 2460
 gtggcatgga atttgtgtat caaataaatg catttgctta tttgacaaac aaaaagtgtc 2520
 cactattggt gaccgagggt gggccgtttt tttgaaattg ggggggaaat ttgcccggtg 2580
 gtgggagggc ctttgtgggg ggggaaaaat tgcccccttg g 2621

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 2019 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

10

```
ctgtatccta atttcttggg gaatgaactc attcttaaagc agaagcaaag atttgaggaa 60
aagaggttca aattggacca ctcaagtgaat agcaccaatg gccacaggtg gcagatattt 120
caagattggt tgggaactga ccaagataac cttgatttgg ccaatgtcaa tcttatgttg 180
gagttactag tgcagaagaa gaaacaactg gaagcagaat cacatgcagc ccaactacag 240
15 attcttatgg aattcctcaa gggttgcaaga agaaataaga gagagcaact ggaacagatc 300
cagaaggagc taagtgtttt ggaagaggat attaagagag tggaagaaat gagtggctta 360
tactctcctg tcagtggagg tagcacagtg cctcaatttg aagctccttc tccatcacac 420
agtagtatta ttgattccac agaatacagc caacctccag gtttcagtgg cagttctcag 480
acaaagaaac agccttggtg taatagcacg ttagcatcaa gacgaaaacg acttactgct 540
20 cattttgaag acttgagca gtgttacttt tctacaagga tgtctcgtat ctcagatgac 600
agtcgaactg caagccagtt ggatgaattt caggaatgct tgtccaagtt tactcgatat 660
aattcagtag gaccttttag cacattgtca tatgctagtg atctctataa tggttccagt 720
atagtctcta gtattgaatt tgaccgggat tgtgactatt ttgcgattgc tggagttaca 780
aagaagatta aagtctatga atatgacact gtcattccagg atgcagtgga tattcattac 840
25 cctgagaatg aaatgacctg caattcgaaa atcagctgta tcagttggag tagttaccat 900
aagaacctgt tagctagcag tgattatgaa ggcaactgta ttttatggga tggattcaca 960
ggacagaggt caaaggtcta tcaggagcat gagaagaggt gttggagtgt tgactttaat1020
ttgatggatc cttaaactctt ggcttcaggt tctgatgatg caaaagtga gctgtggtct1080
accaatctag acaactcagt ggcaagcatt gaggcaaagg ctaatgtgtg ctgtgttaaa1140
30 ttcagccccct cttccagata ccatttggct ttcggtgtg cagatcactg tgtccactac1200
tatgatcttc gtaacactaa acagccaact atggtattca aaggacaccg taaagcagtc1260
tcttatgcaa agtttgtgag tggtaggaa attgtctctg cctcaacaga cagtcagcta1320
aaactgtgga atgtagggaa accatactgc ctacgttcct tcaagggtca tatcaatgaa1380
aaaaactttg taggcctggc ttccaatgga gattatatag cttgtggaag tgaaaataac1440
35 tctctctacc tgtactataa aggactttct aagactttgc taacttttaa gtttgataca1500
gtcaaaagtg ttctcgacaa agaccgaaaa gaagatgata caaatgaatt tggtagtgct1560
gtgtgctgga gggcactacc agatggggag tccaatgtgc tgattgctgc taacagtcag1620
ggtagaatta aggtgctaga attggtatga agggttaact caagtcaaat tgtacttgat1680
cctgctgaaa tagctctgca gctgacaagt agagaagaaa cagaaaatgt catgtgatgt1740
40 ctctcccaa agtcacatg gggttttgat ttgttttgaa ttttttttc tttttttctt1800
ttccctcctt tatgaccttt gggacattgg gaatacccag ccaactctcc accatcaatg1860
taactccatg gacattgctg ctcttggtgg tgttatctaa tttttgtgat agggaaacaa1920
attcttttga ataaaaataa ataacaaaac aataaaagtt tattgagcca caaaaaaaaa1980
45 aaaaaaaaaa aaaaaagaaa agaagggagg agggaaagg 2019
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1866 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

15  gtgggtgctg tgacaggcac tatttgaagt gctttatcat ggattaactc ttaatcctca 60
    gctaccgtat aaagtaggac ataaccctat ttcacatgca ctacactgag acttgcctcc 120
    tctcccccca cattgaagat gttctttttt cataactata tactattcca ttgcatgaat 180
    attctgtaat ttatttaac cccatggat tgataattag gttcattata gatagaagt 240
    taattaacat tcctgtacat gtattttgct acttggtggt gtatttctgt aggatgaata 300
    actagaaatt tattggatca ggtttcacat ttgcagtttt gaaaactact accaaaaaga 360
20  ttccaccaat ttacaactcc atcattagta agaatgcctg tttgcctata gtctgccaac 420
    cctgaatcct taaaaatfff tgccaatctg gtaggcaaaa tttctttctt ttctttgaat 480
    attaatgagg aggaacatct tttcatgttt cttggccatt tgcatttcct attatgaatt 540
    gcttttgccc attttccttt ttttaattat gaaagtctaa tgactacctt ctcattgtat 600
    aaaaaacaca gttctttgaa tagagagacc cttttctcca atgctacca tcacattcca 660
25  cttaccacag ttttaacata atcctctagt cacccttcg tacgaatata catacacata 720
    aaaacacttt ttacataaat aggatctcat attctgtagc tttttaaaat tttgggtctca 780
    aaaaaagata acaggtcttt aaatttcttt aatggttgaa tatgattaaa tactatgaaa 840
    atgccattat ttattccctt aatttttttc ctctcgctat tacattgcca aagtaaacad 900
    cctattcaga tgtctttgtg catgtgtgtg aatatttctt tagtctggag tccagtaagg 960
30  tggatttttg gatcaaaggg tttgttctct gtccaccttc agtcttccca aaggccttca 1020
    taactgtatt ttcaccaagt gtatggagaa tgttcatttc cccatataac catacctaca 1080
    cttgatagtt ttatctgtt gggcgaaaaa gaaccttttc ttattttgca tttccctgat 1140
    tataaaaaaa aatggtgaga ttgggggttat tttcatgttt attggccatt tatagtttac 1200
    tgtggattgt ttgtatccct tacctgcttt ctattgggtt atgtgtggat atattgtttt 1260
35  tatttgttca gcctctcctt ccccatcttc tggtaacaca acctttattt atttggtggg 1320
    aacctattcc ctgtggctta ggtgagcatg tgaccaggcc tggcctcctg agtcccacag 1380
    cttcctagcc acagtgataa aagaatgggt atataactta agccaggcta aggaaagccc 1440
    ttaacagaac ttctgctgga actactggaa agaaggcttt atggagatcc caggaaacca 1500
    ggaccatgta agcctgaatt tgtgccattt ggagagagtc tgtctgagga gaaactcgga 1560
40  tgctagcaga aatggaaaaga gaactaagtt ctgatgtcat ttttctggag gccctagatc 1620
    cagctgtgcc taaagcctgc cctacctccg gactttaaa ttttgtgagc caataaagtc 1680
    cctttcttgt ttaagataat tgaattgagt ttctgttctg attaatatag gttatttgta 1740
    ttttcttatt gatttgtaga aaacctttgt aattttaaat tctagacttt atgcactata 1800
    taagttaata aaattagcat ggccttccat gaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1860
45  aaaaaa 1866

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 1189 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```
15 ctagcaagca ggtaaacgag ctttgtacaa acacacacag accaacacat ccgggggatgg 60
ctgtgtgttg ctagagcaga ggctgattaa acactcagtg tggttgctct ctgtgccact 120
cctggaaaat aatgaattgg gtaaggaaca gttaataaga aaatgtgcct tgctaactgt 180
gcacattaca acaaagagct ggcagctcct gaaggaaaag ggcttgtgcc gctgccgttc 240
aaacttgtca gtcaactcat gccagcagcc tcagcgtctg cctccccagc acaccctcat 300
tacatgtgtc tgtctggcct gatctgtgca tctgctcgga gacgctcctg acaagtctgg 360
20 aatttctcta tttctccact ggtgcaaaga gcggatttct ccttgcctct cttctgtcac 420
ccccgctcct ctccccagg aggtcctctg atttatggta gctttggact tgcttccccg 480
tctgactgtc cttgacttct agaatggaag aagctgagct ggtgaaggga agactccagg 540
ccatcacaga taaaagaaaa atacaggaag aaatctcaca gaagcgtctg aaaatagagg 600
aagacaaact aaagcaccag catttgaaga aaaaggcctt gagggagaaa tggcttctag 660
25 atggaatcag cagcggaaaa gaacaggaag agatgaagaa gcaaaatcaa caagaccagc 720
accagatcca ggttctagaa caaagtatcc tcaggcttga gaaagagatc caagatcttg 780
aaaaagctga actgcaaadc tcaacgaagg aagaggccat tttaaagaaa ctaaagtcaa 840
ttgagcggac aacagaagac attataagat ctgtgaaagt ggaaagagaa gaaagagcag 900
aagagtcaat tgaggacatc tatgctaata tccctgacct tccaaagtcc tacatacctt 960
30 ctaggttaag gaaggagata aatgaggaag aagaagatga tgaacaaaat aggaaagctt 1020
tatatgccat ggaaattaaa gttgaaaaag acttgaggac tggagaaaag acagttctgt 1080
cttcaatacc tctgccatca gatgacttta aaaggccag gagtaaaagt ttatgatgat 1140
gggcaaaagt ccagtgtatt cagtaaaagt ctaatcacia gttggagggt 1189
```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
40 (A) LÄNGE: 1418 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
45 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

5  gagctcgcag ctccgccggc gcctggctcc agcgcccgcg gcgcccgcgc cccggcccaa 60
   ccatggcgctc ctccgccggc ggctgcgtgg tgatcggttg cagtggagtc attgggcgaa 120
   gtgggccatg ctgtttgccg gtggaggctt ccaggtgaaa ctctatgaca ttgagcaaca 180
   gcagataagg aacgccctgg aaaacatcag aaaggagatg aagtgtctgg agcaggcagg 240
   ttctctgaaa ggctccctga gtgtggaaga gcagctgtca ctcacagtg gttgtcccaa 300
10  tatccaagaa gcagtagagg gtgccatgca cattcaggaa tgtgttccag aagatctaga 360
   actgaagaag aagatttttg ctcagttaga ttccatcatt gatgatcgag tgatcttaag 420
   cagttccact tcttgtctca tgccttccaa gttgtttgct ggcttggctc atgtgaagca 480
   atgcatcgag gctcatcctg tgaatccgcc atactacatc ccgctgggtg agctgggtccc 540
   ccacccggag acggccctca cgacagtgga cagaacccac gccctgatga agaagattgg 600
15  acagtgcctc atgcgagtc agaaggaggt ggccggcttc gttctgaacc gcctgcaata 660
   tgcaatcctc agcaggcctt ggccggctagt ggaggaagga atcgtgtctc ctagtacact 720
   ggaccttgct atgtcagaag ggttgggcat gcggtatgca ttcattggac ccctggaaac 780
   catgcatctc aatgcagaag gtatgttaag ctactcgcac agatacagcg aaggcataaa 840
   acatgtccta cagacttttg gacccattcc agagttttcc agggccactg ctgagaaggt 900
20  taaccaggac atgtgcatga aggtccctga tgaccggag cacttagctg ccaggaggca 960
   gtggaggggc agtgccctca tgagactcgc caagttgaag agtcaagtgc agccccagtg1020
   aattttctgt aatgcagctt ccactcctct cattggaggc cctatttggg aacactgcaal080
   gcccttaatc agccctctgt gacataggta gcagcccacg gagatcctaa gctggctgtcl140
   ttgtgtgcag cctgagtggg gtgggtgcagg ccggtagtct gcccgctact ttggatcata1200
25  gccctggggc tggcggcaca gcagcacttg cgttctcggg gctgtcgatt tcctgccacc1260
   tgggcagata acctggagat ttacacctt tctttttcag cttgattgca tttgagtatg1320
   atttgacagc cagtgattgt agttttcatg ttaatatgtg ggcaaaatat ttttgaatt1380
   atttttgtaa tccctttctg agtaatctgt gggctcctt 1418

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 814 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

```

55  gcagcaacgg ggtgcggcag ggtggggaaac gcgggagggg gccagctccc aggaaagctg 60
   gtctgcgagc ggccctgccc cggtctccag gtccctgcgc gaccccgccc ttcccagagac120

```

```

ccagccggg ctgccgccc cgtcccgaa gctccagcct gaaccatgtt tttcacttgt180
ggcccaaagt aggccatggt ggtctccggg ttctgccgaa gccccccagt catggtggct240
ggagggcggt tctttgtcct gccctgcac caacagatcc agaggatctc tctcaacaca300
ctgacctca atgtcaagag tgaagaggt tacactcgcc atgggggtccc catctcagtc360
5 actggcattg cccaggtgaa gctttcagag ccttttcccc acagtcact tccccatcac420
cctctctccc agacattaag acatcttctg gccacagtct tctcaaccct tgcctgcaga480
gaagttcctc tgctagtctc atcttttcca ggaccccaa ggcaattgcc tctctctct540
ttctttccct gaaatggaag aagcatttct gagagggtc tcccttctct ctctgctttt600
cctctgactt catgagaccc ccaccacacc tttcctaccc ctactctggc tacaggtaaa660
10 aatccagggg cagaacaagg agatgttggc ggccgcctgt cagatgttgc tggggaagac720
ggaggctgag attgcccaca ttgccctgga gacgttagag ggccaccaga gggccatcat780
ggccacatg acttgtgga ggggtgggt taga 814

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3039 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

gaactgagat attgtaatca aatagttaac atcaggaagt taatttggct ggcaaaattc 60
40 tagggaaact tggccagaaa actggtgttg aaggcttttg ctcatataaa caagtgccat 120
tgagtttcaa atgaccagca aatatattta gaacccttcc tgttttatgt ctgtacctcg 180
tccaccctc aggtaatacc tgccctctcac aggtacagct gtttcttgga aatcctccaa 240
ccaaatagca gttttcctaa cttgattagc ttgagctgac agactgttag aatacagttc 300
tctggccaca gctgatgagg gctttctgta ctgcacacag atttgttact gcaccccgat 360
45 ccaggtgact ggtaccact cgagttgtgc cgtgcaaac ctgtccagta tatgcatgtg 420
gtggccctac tgactggtaa tgggttagagg catttatgga ttttaagctt tgaggaaaaa 480
ccatgacttt taacaaattt ttatgggtta tatgcctaaa cccttatgcc acatagtggg 540
aaataattat gaaaaatggt ctgttcataa ttggtagggt ccttttgtga gcaggagca 600
taattattgg tttattatgg taattatggt gatgttttaa ataatcatga atgttaaaac 660
50 gttttctaac agtttactgt tgcttatctc caagatatta tggaaattaag aatttttcca 720
gatgagtgtt acatagattc tttgaattta gtataaaagt actgagaatt aagtttgtac 780
ttccataagc ttggatttta aacactgata gtatctcatg agtaatgtgt gttttgggag 840
agggagggat gctgattgat atttcacatt gtatgaaata ccatgtttga aactcatagc 900
aataatgcta tgctgtttgt atccctctca agttctgcat ttaaaatata ttttttctt 960
55 atagggaattg atgtatacca tgaagtcatt gtcagttgta gtagctctga tgttgaaatga 1020
gatatcatgt ttttagcattc cattttactg actagggtag aagaacactt ttcttggcta 1080
catttgagg ataccaggg agtcttgggt gtcccttacc tggggaagca aacatttcac 1140

```

```

tagtctcttt ttttcatcct ttaaattgta aattaaggat tactcaagct caccattatt1200
caagattggg actcgcttcc cagtcgacac tctgccctgc ctgtcattgc tgcaaagagc1260
tgctgctttg ccaacctaaag caaagaaaat acggcttctc ttgcattatt ttcccttttg1320
gttggtttgt tttctagaag tacgttcaga tgctttgggg aatgcaatgt atgatttgct1380
5 agctctctca ccacttaact cactgtgagg ataaatatgc atgctttttg taattaactg1440
gtgctttgaa aatctttttt aagggagaaa aatctcaacc aaagtatatg tcatccagac1500
aagctgacct ttgagttaat ttcagcaca ctcattcttc agtgcctcat gactgaaaac1560
aaaaaacaaa aaaacgaaag catcttcaca atgaagcttc cagatagcac cgttttgcta1620
aaagatacat tctcattgtt ttccaacagt gatggcttcc acataaggtt aaacaaacta1680
10 ggtgcttgta aataatttat tacagtttac tctatcgcat ttctgtaaca tgaaatgcat1740
gcccttcttc aggggaagac tgtggtcaag ttaaaaaaaa aaaacaatat taaacaacat1800
gaaactgcag tctgtttttg aaaatgagaa tgtcctaagt gattcagaag agaggaggga1860
agttgtgcac tctgaaaatg catgaaaaac aaaggcaaaa actagtggga aatgtgtaga1920
actgttaact gagacggctt cgagctctcc ttctggaatc tgttaaattt cacaaagtca1980
15 tgagggtaaa tggagaaaat atttctggga ttacaatgaa tgtaagccca aattgtggaa2040
ttgccagtaa cctggatggg gaaaagcatt tcccatagca ctccatgtaa tatgagtgt2100
ctgtgagatg ttcatcagtg ttttatagaa atgggtgttg tgggaaacca agtttgcacc2160
tggaactta caatgcactt tagcgagta agggcttggc atccggtagt gaaaaactgt2220
ctaaccagc attgccaaa ctattttgac accaggacct ttttctcctt tgggatactt2280
20 atgaacctct cactaatgtc ctgtggagaa cattttggga aacactatgt tagatagttc2340
tttaaggaga caaacggtg atgaacagat agcactgggg cagaatatgc atgcattttg2400
taacgtccag tgtggcgttg aatagatgtg tatttctctc cctgcagaaa ataagcacag2460
aaaattataa tgtagtgat cggagctctt tcctttgata gagagaacag cccaatgat2520
cctgctttt tcaactgacg tatcagaata catggatgaa ttggggtaaa taaggtttta2580
25 attcagatct agaagaaagt attgtacgtt tgaatgcaga tttttatcca cagatagttg2640
tagtgtttag acatgacagg acctatcgtt gaggtttcta agacttacta tgggctgtaa2700
acctgtttt taaaactatt ttagaaacct gagacttgcc gtctggcatt ttagtttaat2760
acaaactaat gattgcattt gaaagagatt cttgacctta tttctaaacg tctagagctc2820
tgaaatgtct tgatggaagg tattaaacta tttgcctgtt gtacaaagaa atgtaaagac2880
30 tcgtgaaaag aattactata aggtactgtg aaataactgc gattttgtga gcaaaaacata2940
cttggaatg ctgattgatt tttatgcttg ttagtgtatt gcaagaaaca cagaaaatgt3000
agttttgttt taataaacca aaaattgaac ataaaaacc 3039

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 1448 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

taccaatctg aagggggaag cggcgcgcgc atcgccctccc ggcgctccct ccccgactcc 60
taagtccttc ggccgccacc atgtccgcct cggctgtctt cattctggac gttaagggca 120
agccattgat cagccgcaac tacaagggcg atgtggccat gagcaagatt gagcacttca 180
5 tgcctttgct ggtacacggg gaggaggaag gcgccttggc cccgctgctg agccacggcc 240
aggtccactt cctatggatc aaacacagca acctctactt ggtggccacc acatcgaaga 300
atgccaatgc ctccctgggtg tactccttcc tgtataagac aatagaggta ttctgcgaat 360
acttcaagga gctggaggag gagagcatcc gggacaactt tgtcatcgtc tacgagttgc 420
tggacgagct catggacttt ggcttcccgc agaccaccga cagcaagatc ctgcaggagt 480
10 acatcactca gcagagcaac aagctggaga cgggcaagtc acgggtgccca cccactgtca 540
ccaacgctgt gtcctggcgc tccgagggtg tcaagtataa gaagaacgag gtcttcattg 600
atgtcataga gtctgtcaac ctgctgggtc atgccaacgg cagcgtcctt ctgagcgaaa 660
tcgtcgggtac catcaagctc aaggtgtttc tgtcaggaat gccagagctg cggctggggc 720
tcaatgaccg cgtgctcttc gagctcactg gccgcagcaa gaacaaatca gtagagctgg 780
15 aggatgtaaa attccaccag tgcgtgcggc tctctcgctt tgacaacgac cgcaccatct 840
ccttcatccc gcctgatggt gactttgagc tcatgtcata ccgcctcagc acccaggtca 900
agccactgat ctggattgag tctgtcattg agaagttctc ccacagccgc gtggagatca 960
tgggtcaaggc caaggggagc ttaagaaac agtcagtggc caacggtgtg gagatatctg 1020
tgcctgtacc cagcgatgcc gactccccca gattcaagac cagtgtgggc agcgccaagt 1080
20 atgtgccgga gagaaacgtc gtgatttga gtattaagtc tttcccgagg ggcaaggagt 1140
acttgatgcg agccactttt ggcttccccca gtgtggaaaa ggaagagggtg gagggccggc 1200
ccccatcgg ggtcaagttt gagatccctt acttcaccgt ctctgggatc caggtccgat 1260
acatgaagat cattgagaaa agtggttacc agggccctgc cctgggggtt cgctacattc 1320
accagagtg ggcgattacc aactttcggt accagctagg aaggggagaa gagatggggg 1380
25 ggttttaaca cggggtttgc tttacagccc cggatgcaga ttttagaag ggagggcagg 1440
tgcggggtt 1448

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1394 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

atgaatacaa ggctgcaagt ggaacatcct gttactgaga tgatcacagg aactgacttg 60
gtggagtggc agcttagaat tgcagcagga gagaagattc ctttgagcca ggaagaaata 120
actctgcagg gccatgcctt cgaagctaga atatatgcag aagatcctag caataacttc 180
55 atgcctgtgg caggccatt agtgcacctc tctactcctc gagcagacct ttccaccagg 240
attgaaactg gagtacggca aggagacgaa gtttccgtgc attatgacct catgattgag 300

```

```

aagtgggtcg tgtgggcagc agatcgccag gcggcattga caaaactgag gtacagcctt 360
cgtcagtaga atattgttgg actgcccacc aacattgact tcttactcaa cctgtctggc 420
caccagagat ttgaagctgg gaacgtgcac actgatttca tccctcaaca ccacaaacag 480
ttgttgctca gtcggaaggc tgcagccaaa gagtctttat gccaggcagc cctgggtctc 540
5 atcctcaagg agaaagccat gaccgacact ttcaactctt aggcacatga tcaattctct 600
ccattttcgt cttagcagtgg aagaagactg aatatctcgt ataccagaaa catgactctt 660
aaagatggta aaaacaatgt agccatagct gtaacgtata accatgatgg gtcttatagc 720
atgcagattg aagataaaaac tttccaagtc cttggtaatc ttacagcga gggagactgc 780
acttacctga aatgttctgt taatggagtt gctagtaaag cgaagtgatt atcctggaaa 840
10 acactattta cctattttcc aaggaaggaa gtattgagat tgacattcca gtcccaaat 900
acttatcttc tgtgagctca caagaaactc agggcggccc cttagctcct atgactggaa 960
ccattgaaaa ggtgtttgtc aaagctggag acaaagtga agcgggagat tccctcatgg1020
ttatgatcgc catgaagatg gagcatacca taaagtctcc aaaggatggc acagtaaaga1080
aagtgttcta cagagaaggt gctcaggcca acagacacac tcctttagtc gagtttgagg1140
15 aggaagaatc agacaaaagg gaatcggaat aaactccagc aaggaaatgg ccagttaagt1200
agtgtcttct ctctccacca aaaagaggaa gtgcctccag cttttctggg ggtctcataa1260
agagcagttt tactaaatga ttgtatgctt atgctgaaca cttttcatat tggagaatca1320
tgcatttggtg tcaactaatta tctcaaaata tttcatacta ataaagttga attatttttt1380
attggaagcc aaaa                                     1394

```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 734Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```

gccgacaaga tggtcttgct gcctcttccg gctgcggggc gagtagtctg ccgacgtctg 60
gccgtgagac gtttcgggag ccggagtctc tccaccgcag acatgacgaa gggccttggt120
ttaggaatct attccaaaga aaaagaagat gatgtgccac agttcacaag tgcaggagag180
aattttgata aattgttagc tggaaagctg agagagactt tgaacatata tggaccacct240
ctgaaggcag ggaagactcg aaccttttat ggtctgcac aggacttccc cagcgtgggt300
50 ctagttagcc tcggcaaaaa ggcagctgga atcgacgaac agggaaaactg gcatgaaggc360
aaagaaaaaca tcagagctgc tgttgacgag ggtgacgagc agattcaaga cctggagctc420
tcgtctgtgg aggtggatcc ctgtggagac gctcaggctg ctgcggaggg agcgggtgct480
ggtctctatg aatacgaatg cctaaagcaa aaaaagaaga tggtctgtgc ggcaagctc540
tatggaagtg gggatcagga ggcctggcag aaaggagtcc tgtttgcttc tgggcaagaa600
55 cttgggcacg ccaatttgat gggagacgcc agccaattga gattgacgcc aaccagattt660
tgccgaaatt atttgagaag attttcaaaa ttggtagtta gttaaaaccg aggtcctttt720
cagaccccaa tttt                                     734

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 692 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

25 tgcagcgcgt gcgtgctgcg ctactgagca ggcgccatgga ggactctgaa gcactgggct 60
 tcgaacacat gggcctcgat ccccggtcc ttcaggctgt caccgatctg ggctggtcgc120
 gacctacgct gatccaggag aaggccatcc cactggccct agaagggaag gacctcctgg180
 ctccggcccg cacgggctcc gggaagacgg ccgcttatgc tattccgatg ctgcagctgt240
 30 tgctccatag gaaggcgaca gggtccggtg tagaacaggc agtgagagge cttgttcttg300
 ttctactcaa ggagctggca cggcaagcac agtccatgat tcagcagctg gctacctact360
 gtgtcggga tgtccgagt gccaatgtct cagctgctga agactcagtc tctcagagag420
 ctgtgctgat ggagaagcca gatgtggtag tagggacccc atctcgcata ttaagccact480
 tgcagcaaga cagcctgaaa cttcgtgact ccctggagct tttgggtggtg gacgaagctg540
 35 accttctttt ttcccttttg ctttgaagaa gagctcaaga agtcttctc tggtcacttt600
 gcccccgat tttaacaagg cttttctcat gtcagctact tttaacgagg acgtacaagc660
 actcaaggag ctgatattac ataagccggt at 692

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 571 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

```
10 ctgccacgca cgactgaaca cagacagcag ccgcctcgcc atgaagctgc tgatggctct 60
catgctggcg gccctcctcc tgcactgcta tgcagattct ggctgcaaac tcctggaggal120
catggttgaa aagaccatca attccgacat atctatacct gaatacaaa agcttcttca180
agagttcata gacagtgatg ccgctgcaga ggctatgggg aaattcaagc agtgtttcct240
15 caaccagtca catagaactc tgaaaaactt tggactgatg atgcatacag tgtacgacag300
catttggtgt aatatgaaga gtaattaact ttacccaagg cgtttggtc agagggctac360
agactatggc cagaactcat ctgttgattg ctagaaacca cttttctttc ttgtgtgtc420
tttttatgtg gaaactgcta gacaactgtt gaaacctcaa attcatttcc atttcaataa480
actaactgca aatcacaaaa aaaaaaaaaa gtcgacg 517
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 322 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```
45 tcaagctgtg ggtgagaagc tctctagcag ggactctgac cttatggagg atcgctgttt 60
ccccatttt tccttttcac ccaaaaaagt cctgcttctg tcacccttca aacagcctgt120
gagcctaaat tttgtggcc atgggacaga caaggacccc gtcttcagct gaactaaggal180
aaagtccctgc gacatctttg gccatcaaac tccaaccagc tcaccaacc agagcctctg240
aggaatggcc cttcttgcg gggaaccctt tacaatgggc ctcttgactg atgtttcccc300
50 aaaacagtgc ccctgtcatc ag 322
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1559 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

gcacgagttg agagtgagtg tgtgtgtgtg cgtgtgcacg tgcacacatg tgcacggttg 60
tatgtatggg aaataaactt ataaatgggg acgtattgga gaaggaaata catagacctt 120
caactttgag caaatagcag tgatgtttta ggaactgaaa tgtcacactt aaagtcttca 180
gccagctac ttccctatct ttggcgggga gaagagggcc tgattagaac tgttctggtt 240
gtgtttggcg ggaggggaat aatttttgtt cagtccttct tagtgaccaa actttaattt 300
ttaagaataa tatattgact tactgaactg aagcattctg agttgaaagg agctccagag 360
gagtggagtt ctgtgttgct cacatgttaa aagcttgctc accttcagag cagagggaat 420
acctatcttc agatatccgc ccattttcat ctcttcatta tagtcaaaca gtgtgacttg 480
agagtgttgc tctggtgtct gtattctggc ttatgaagat tatttgaaaa agaactctta 540
ctacattgaa atgcagactt ttaaaaaattt aaatattgga ttaggcagtc aaaaaaccaa 600
acaagcataa aaggtcaata agttgtaatc ttaaaagtaa aggtggaaaa ctctattata 660
atggaagaaa agttttgatt tccttttttg tttgatgggc agtatgcat attataccca 720
aagtctttt aaaaaatatt tccatcaacc atttttatctt aaaataaaca tttgagggaa 780
gttaccaagg cagctttttt cctcaaaagt aacctgttcc tctttggaat agcacatttt 840
aggggcatgg ttaatacctg agatttttac tcagtaaata ctgatggtta ctgtgtgtaa 900
aatatcttta agtaggattg aaggcctctg tgggggaata aaatattacc aaagtctata 960
aaaataaatt ttacatgttc tcttttatga cagagagcag cactggttct gttattttta1020
aaatgaataa ttgatttctt gataggtgtt taatatttct tccctcactg ctgattctta1080
gatagaaacc attctttata tttgatagac tgctttcaga aaacccttat caacaagtgt1140
acaatactta tctaaaacta tacatttaga atggagcagt ttaatactag atctcagaag1200
ttttgaaaaa tagcaagaa gactggattt ggaaagcatg gtctacaatt ggttgtaaa1260
ttctgaagct atgaagaata aatgtttcaa ctttggatta tgaaacccca tttatgattt1320
45 tttaaataca cttgaaataa aaatgattaa actaaatttt ggtccagtga cattactttg1380
cactgcataa tccattatac gttgtacgac tttttttttt gggttgaaatt aataactgag1440
agttttgtgt gaagctacg catatctaac cggagaattt cggatgcctt atacggtgat1500
tatattatat gggggcattt gtagtgcagc ggaagacgga atttatgcct ttgggaaac 1559

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1072 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```
20  cacacgtgct gacggcgggg acattcacat ccataagaag aaatctcagc aagtgttcgc 60
    gtccccagc aaacacccca tggacagcaa gggggaggag tccaagatca gctaccccaa 120
    catcttcttc atgattgaca gcttcgagga ggtgttcagc gacatgaccg tagggaagga 180
    gagatggctc gtgtggagct ggtggctagt gacaaaacca acacgttcca gggggtcac 240
    tttcagggtc ccatccgcta cgaggcgctc aagaagggtg atgacaaccg ggtgagcgtg 300
    gccgcccgcg tggcacagaa gatgtcgttt ggcttctaca agtacagcaa catggagtgt 360
25  gtgcgcagta agggccccc gggcaagggc cacgccgaga tggcggtcag ccgagtgtct 420
    acaggtgaca cagcccctg tgggactgaa gaggactcca gccagcttc gcccatgcac 480
    gagcgggtga cctccttcag cagaccccc accccagaac ggaacaaccg gcctgccttc 540
    ttctcccat ccctcaagag gaagggtgcc cggaaccgga tcgctgagat gaagaagtcg 600
    cactcggcca acgacagcga ggagttcttc cgggaggacg acggtggagc cgatctgcac 660
30  aatgcaacca acctgcggtc tcggtccctg tcgggcacag gacgtccct ggtcgggtcc 720
    tggctgaagc tgaacagagc agatggaac ttcttctct atgcacactt aacctacgtc 780
    acgttgccgc tgcacggat tttaacagac atcctggaag ttcggcagaa gccatcctg 840
    atgacctagc cgcgtgcgga gcctgcgag agcccggcc gggcccagcc ctcgagtg 900
    tgccaagtgc ctacctgtcc accgccacc gggctctgca tggcacgcca gtgttgagc 960
35  cgagaccagg cgaggccact cgactgccg ggccggggcc gactgcacga acaccagccc 1020
    aaactgaagt gcctctgacg ggcctgctg gcgctgcttc cgccctgtgc cc 1072
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 454 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

gtgctgcatg gagtgagtg cggcatccac cgtgaggagg agaggagctc tgataccctc 60
aggacccgcc aggaggggca tcacggaggc ttctggacga cttggagctg tgcctgggg120
10 agaaaaccgc tcctgtgtgg gccctgagtg ctgaggagga agctgccatg cacttttccc180
tggcattttt cctgcatggt tcgtctgttt ttttgcaaat aacatgttgt catgaatttt240
tatgcatgag gcatatttca tcatgtctgt atgtgaagt ccccttcac ctttcaattg300
gttggtggac aggagagaga ggtccaagg ggcctacac gtgcgccagt gccgtgggag360
gagatcgagc gccgaggcac ggaggagggt ggcatctacc gcatgtctgg ggtggccgca420
15 gacatccagg cactgaaggc agccttcaac gtca 454

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

(A) LÄNGE: 700 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

40

cttgctggag ccctaaccag gggatatctt gagcctgggt ggatccccgg agcgtcacat 60
cactttccga tcacttcaaa gtggttaaaa actaatattt atatgacaga agaaaaagat120
gtcattccgt aaagtaaaca tcatcatctt ggtcctggct gttgctctct tcttactggt180
45 tttgcacat aacttcctca gcttgagcag tttgttaagg aatgagggtta cagattcagg240
aattgtaggg cctcaacctt tagactttgt cccaaatgct ctccgacatg cagtagatgg300
gagacaagag gagattcctg tggatcatgc tgcattctga gacaggcttg ggggggcat360
tgcagctata aacagcattc agcacaacac tcgctccaat gtgattttct acattgttac420
tctcaacaat acagcagacc atctccggtc ctggctcaac agtgattccc tgaaaagcat480
cagatacaaa attgtcaatt ttgacctaa acttttgtaa ggaaaagtaa aggaggatcc540
50 tgaccagggg gaatccatga aacctttaac ctttgcaagg ttctacttgc caattctggg600
ttccagcgg caaagggaagg cccgtttaca tgggggtgat gatgttattt gtggcagggt660
ggattttttt ccctttacat tacagcagtg aggcggggc 700

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 914 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

25 ccggcctgcg gtgggcagca gctcaggttc tccaaatcat tgcgtagttc cgaataccct 60
cggccacacc tggccttctc catgctcgga ataacttcct gcagcgacca acaggctaaa120
gagggggaag ggatccagca ccggctcctc ctccggcaac cacggtggga gcggcggagg180
aaatggacat aaaccgggt gtgaaaagcc agggaatgaa gcccgcgga gcgggaaatc240
tgggattcag ggcttcagag gacaggagt ttccagcaac atgagggaaa taagcaaaga300
30 gggcaatcgc ctcttgag gctctggaga caattatcgg gggcaagggt cgagctgggg360
cagtggagga ggtgacgctg ttggtggagt caatactgtg aactctgaga cgtctcctgg420
gatgtttaac ttgacactt tctggaagaa ttttaaatcc aagctgggtt tcatcaactg480
ggatgccata aacaagaacc aggtcccgcc cccagcacc cgagccctcc tctactcag540
ccgactctgg gaggatttca aacagaacac tcctttcctc aactggaaag caattattga600
35 ggggtgaggac gcgtcatcac tgcagaaacg tgcaggcaga gccgagtcag aactacaatt660
acaaccagca tgcgtatccc actgcctatg gtgggaagta ctgagtcag acccctgcaa720
agggggggag tctcacttc ttctcggct tcccgggtgc aacctgggccc tgcttgagtc780
tgggtgaagt tttggttaag caatttcctt caaccaacca ccgaaggccc cggaaaaagc840
actgggttcg tcaagggaag ctcttcccc ctttggggcc cccagccttg tggcaggccc900
40 ctgggcccgg gttg 914

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1669 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```
gagctgcagc agagcaggta acagctcttg cacctgtttc tcttgacact gacgtgcagc 60
tgctcctacc cacctctcct ggctgagcct tgcttgatac agcagcccgaggaccact 120
15 tgcttcccga gtctcaccct cccaggcagc tcctacactc aactgcttct ctaggaaagg 180
tctcacctcc agcctggagc agtcgggatt acagaaagcc ccctccttg cttaggaggc 240
gccatgacga ctgaaattgg ttggtggaag ctgactttcc tccggaaaaa gaaatccact 300
cccaaagtgc tgtatgagat ccctgacacc tatgccaaa cagagggaga tgcagaacct 360
ccgaggcctg acgctggagg ccccaacagc gactttaaca cccgcctgga gaagattgtg 420
20 gacaagagca caaagggcaa gcacgtcaag gtctccaact caggacgctt caaggagaag 480
aagaaagtga gagccacgct ggcagagaac cctaacctct ttgatgatca cgaggaaagg 540
cggatcatca agtgaagggc tgaggagggt gctagcacct cttggctccc tgccatcagc 600
cagatctgag acaggacctt gccacgctgg cctctttggc catagctgaa gctgtggggc 660
cagttgatac ctgctggcag gaaatggctg ttttttaggt ttgtatttat gtgccgccac 720
25 ttttgtaagg cctgggagat cccagggtcc tccacctcc ccctgaccac atacaaaggc 780
actctagttc aagagtgaag agtctcacc aggaggaaca gccctccttg aagcaatggc 840
agggccagca gggagggtgg catggcaggg aatggagaga gtgagccaga cagacttcac 900
ctccttactg gacacagggt caagggcgag tttcaattgc tgctccctt actttctcta 960
cctgtgacta ctccctggac caatcctgag gagggcacat tttccagaag ccacgtgata 1020
30 ggggctggtt tctgtggagc cagaggcaga gacactgaac ttgagctcac ctccctaacac 1080
cggcagtaaa ctctctgaa ctttgcctc aggtgcggag gggacagagg accctggcac 1140
tctgttaggg tctgttagaa gactgattg atggtagttt ggcctgttag ttctgtttt 1200
ggccatgact tttgcagatg gcaagtcaca caccctcaa gggagactac acgggccaal 1260
tcgggggagt ggggtgggaa tttctcctc tccctttcct actataatag tatttaagac 1320
35 atatcagctc cagagatgag tcctggagcc ttgaattttg ttttaaaaa taattgtagg 1380
tttctctctg taataacaac gctggaaagg cagagaacct cttttatgct catgtcttgc 1440
atattattgag atgactgttt ctcatgcctt tatgttctt catgtaagta aagtggacct 1500
ttgtgctcaa aaaaaaatt tcaagcttca ggaagggtt cccaaggtgt gacaatgtag 1560
gaacctgggt cactaatttt taccatcaaa cctagcctta gtatgggat ggggcaagca 1620
40 gaaggagcta gttacacctc agtggtcagt tctctccagt caacagaga 1669
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 355 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```
10 ccggcctccc ctcgctctga ggctcggggg cccagctcc gcgtaaactg cagcatttcg 60
ccctctgctc agctccccctc tgccccctct ttccaagaga gacttcacga tcccacattt120
tcttgactga ttttgaagct gtctgtttgc attctgattg ggaacactgg gatcattttc180
atcatgccga cagtgggtgt aatggatgta tccctttcca tgaccgacc tgtgtctatt240
gaggggtccg aggaatacca gcgtaagacc tagcagccca tggtttaacg atgcttggtt300
15 tgagcacatg gccacaaatt acaagcttga atttacagca cttgtggttt tttca 355
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
20 (A) LÄNGE: 2628 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:42

```
40 ggggtgcgcct gctttcgccc tcctttctcca gcgggagggg cgcggacttc cgcggggcgg 60
agtccgtcta gtgctgacgt tggcagccga acccaaagta gatcgaggcg gcgggctgca 120
cattcccgtt gttgcgttgc gtttccttcc tctttcactc cgcgctcacg gcggcggcca 180
aagcggcggc gacggcggcg cgagaacgac ccggcggcca gttctcttcc tctgcgcac 240
45 ctgccctgct cggtcagtca gtcggcggcc ggccgcggc ttgtgtcag acctcgcgct 300
tgccggcggc aggccagcg gccgtagcta gcgtctggcc tgagaacctc ggcgtccgg 360
cggcggcggc accacgagcc gagcctcgca gcgctccag aggaggcagg cgagtgcg 420
agtccgaggg gtggccgggg caggtggtgg cgcgcgaag atggtcgcca agcaaaggat 480
ccgtatggcc aacgagaagc acagcaagaa catcacccag cgcggcaacg tcgccaagac 540
50 ctcgagaaat gcccccgaag agaaggcgct tgtaggacct tggttattgg ctctcttcat 600
ttttgttgct tgtggttctg caattttcca gattattcaa agtatcagga tgggcatgtg 660
aagtgcactga ccttaagatg tttccattct cctgtgaatt ttaacttgaa ctattcctg 720
atgtttgata ccctggttga aaacaattca gtaaagcatc ctgcctcaga atgactttcc 780
tatcatgctt catgtgtcat tccaagggtt cttcatgagt cattccaagt tttctagtcc 840
```

```

ataccacagt gccttgcaaa aaacaccaca tgaataaagc aataaaattt gattgttaag 900
atacagtagt ggaccctact tattcagtc aattaagagta agttttttta tgtgggttatt 960
aaaacagtat gaacaattag tctaactctg catagacagg gtctagattt tgttaaccca1020
aatgtataac tgcagtttagc ttaaattaca atttgaagtc ttgtggtttt tataatagcta1080
5  ggcactttat tactcttttg aactgaaagc acactccctt ataggttcat gtaactgtcc1140
tgtaataagg tgcttataaa tggaacaact acacagccta gttttgccac aaccttttagc1200
atctaaaaag ttttaaaagc ttctaaatgt ctaataataa gggagatgct tatagccaca1260
acatctattt taccaatatt gtttccatta cactaccttg gattttgcat gagttagtat1320
agtaacccaa gatgccataa aaaaaaactt gatcggtttc tgacttaatc agttactgtg1380
10 gtttcactaa aagctaccgt ggtggagtga agtcagtcag ggaagggttg tttatgttac1440
atttatttca ccagaactat tttaatatat caaaggggtt tactatgcca aacaaaattc1500
tagggaaaaa tactgtctaa aatggatgcc tcatcagaac atgctgttga gtccaatgtg1560
ccataagaca ttttagcatg ttaaatagca cttttaatag caaaaaaagg cacatcaact1620
gcgaagttat ccttagtttg caaatgcttt ttctagatta atgatttttc aatcattagg1680
15 gtactagaca catcagccta aagtggcctc tggaattgaa tggatttact gataatgatc1740
agtcttttagt cttccctttg ttatatgact ttataggtta tgattgatca aatttacgtt1800
ttactaatgg taaggggtgag ggtcataggg cagggttttg gttttctagt actgttgaaa1860
actgcaagta ttggctattt gtatacttag ccataacttg gtgaaaaaaa acctgagcag1920
tgtctatgta ttaatgcgtt ggaaagaaag ctgcttggtt ttgctttgtt aattgcctca1980
20 ggataatttct tttaaaataa gctgttttaa gaggaacaga agggaaatct gctacctagt2040
ctatacacag cgtgaacctc acagggggct tctgataccc tcaaacatgg agaacagtaa2100
gggagcagag tggtaagga ctttcaggaa cttactatt ctggaataag gaatgaatca2160
actgaccttg ggccagcagg tttttaacta aattgttact tgcctttctc acccagttaa2220
tcagtctctg tacttgtttc cttttttgaa acaagtgtct tggtaacta attctgtttt2280
25 atggttggtc taaattcata gcaggtgcct tattctttgc ttttagtcaa accattccat2340
atcagaattt tccttggtt actatagata ttggcttta agttgttgtt tgtgtttttt2400
aatgtacaat gttctgataa atttgactgt taaattgcta tagctagcaa tcattttaca2460
tatgtaaaat tgcattccct ttgtatttca tgtgtaattc accaattaag tgcagtttat2520
attcaggttg gattatgcat gtttaggtta acgaaagctg tgtcttactt gattttattct2580
30 ttaaaaataa agttccctga atatttgaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 2628

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2535 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

55

```

agttcggcac agggggagga acctggccct gggaggaggc tgttgctgct tcctacagaa 60
tcccgttctg aagggaagag catgtttgct ggcgtcccca ccatgcgtga gagctcccc 120

```



```

aaacagtaca tgcagctcgg aggcaggggc ttgctgggtc tgatgttcat gaccctcctt 180
cacttttgacg ccagcttctt ttctattgtc cagaacatcg tgggcacagc tctgatgatt 240
ttagtgggcca ttggttttaa aaccaagctg gctgctttga ctcttggtgt gtggctcttt 300
gccatcaacg tatatttcaa cgccttcttg accattccag tctacaagcc catgcatgac 360
5 ttcctgaaat acgacttctt ccagaccatg tcggtgattg ggggcttgct cctggtggtg 420
gccctggggc ctgggggtgt ctccatggat gagaagaaga aggagtggtg acagtacacg 480
atccctacct gcctggctaa gaccctgggc cgtcaaggac tggttcgggg tggattcaac 540
aaaactgccg gcttttatgt atcctcttcc cttccctccc cttggtaaag gcacagatgt 600
tttgagaact ttatttgagc agacacctga gaatcgatgg ctcatgtctg tctggagcca 660
10 cagtctggcg tctgacctt cagtgcaggc cagcctggca gctggaagcc tccccacgc 720
cgaggctttg gagtgaacag cccgcttggc tgtggcatct cagtcctatt tttgagttt 780
tttgtggggg tacaggagg ggccttcaag ctgtactgtg agcagacgca ttggtattat 840
cattcaaaagc agtctccctc ttatttgtaa gtttacattt ttagcggaaa ctactaaatt 900
attttggtg gttcagccaa acctcaaaac agttaatctc cctggttttaaatcacacca 960
15 gtggctttga tgtgtttct gcccgcatt gtattttata ggaatagtga aaacatttag1020
ggacacccaa agaatgatgc agtattaaag ggggtgtaga agctgctgtt tatgataaaa1080
gtcatcggtc agaaaatcag cttggattgg tgccaagtgt tttattgggt aacaccctgg1140
gagttttagt agcttgaggc aaggtggagg ggcaagaagt ccttggggaa gctgctggtc1200
tggtgtctgc tggcctccaa gctggcagtg ggaagggtc gtgagaccac acaggggtag1260
20 cccagcagc agcacctgc aagccagcct ggcagctgc tcagaccagc ttgagaccac1320
gcagccgctg tgggcagggg gtgtggcagg agctcccagc actggagacc cacggactca1380
acccagttac ctccatggg gcctttctg agcaaggtct cgaaagcgca ggccgcccgt1440
gctgagcagc accgcccctt cccagctgca ctgcctgt ggacagcccc gacacaccac1500
tttcctgagg ctgtcgctca ctccagattgt ccgtttgcta tgccgaatgc agccaaaatt1560
25 cctttttaca atttgtgatg ccttacgat ttgatcttaa tcctgtattt aaagttttct1620
aacactgcct tatactgtgt ttctcttttt gggggagctt aactgcttgt tgctccctgt1680
cgtctgcacc atagtaaag ccacaagggt agtcgaacac ctctctggcc cctagacct1740
tctggggaca ggctggtcgc gcctgtctcc agggctgctg cggcccagcc ccgagcctgc1800
ctccctcttg gcctctcatc cattggctct gcagggcagg ggtgaggcag gtttctgctc1860
30 ataagtgtt ttggaagtca cctaccttt taacacagcc gaactagtcc caacgcgttt1920
gcaaataattc ccctggtagc ctacttctt acccccgaat attggtaga tcgagcaatg1980
gcttcaggac atgggttctc ttctcctgtg atcattcaag tgctcactgc atgaagactg2040
gcttgctctca gtgtttcaac ctccaccagg ctgtctcttg gtccacacct cgctccctgt2100
tagtgccgta tgacagcccc catcaaatga ccttgccaa gtcacggtt ctctgtggtc2160
35 aaggttggtt ggctgattgg tggaaagtga ggtggacca aggaggccac gtgagcagtc2220
agcaccagtt ctgcaccagc agcgctccg tcctagtggg tgttctgtt tctcctggcc2280
ctgggtgggc tagggcctga ttcggaaga tgctttgca gggaggggag gataagtggg2340
atctaccaat tgattctggc aaaacaattt ctaagatttt ttgctttat gtgggaaaca2400
gatctaaatc tcattttatg ctgtatttta tatcttagtt gtgtttgaaa acgttttgat2460
40 ttttggaac acatcaaaat aaataatggc gtttggtgta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2520
aaaaaaaaa aaaaaa 2535

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 805 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

10 ggcacgagcg gcacgagcca tctccatccc cggagcatct gtatgattca gaagtacaac 60
 cacgatgggg aagcaggctg gctggaggct ttagccaag gggaaagtgt cctaaaggaa 120
 cccaagtacc aggaagagct ggaggacagg ctgcatttct acgtggagga atgtgactac 180
 ttgcagggct tccagatcct gtgtgacctg cacgatggct tctctggggt aggcgcgaag 240
 gcggcagagc tgcatacaaga tgaatattca gggcggggaa taataacctg gggcctgcta 300
 cctggtccct accatcgtgg ggaggcccag agaaacatct atcgtctatt aaacacagct 360
 tttgggtctcg tgcacctgac tgcacacagc tctcttgtct gccccttgct cttgggtggg 420
 15 agcctggggc tgcgaccgca gccacctgtc agcttccctt acctgcatta tgatgccact 480
 ctgcccttcc actgcagtgc catcctggct acagccctgg acacagtcac tgttccttat 540
 cgctgtgtt cctctccagt ttccatggtt catctggctg acatgctgag cttctgtggg 600
 aaaaagggtg tgacagcagg agcaatcatc cctttccctt tggctccagg ccagtcctt 660
 cctgattccc tgatgcagtt tggaggagcc acccatgga cccactgtg tgcatgtggg 720
 20 gagccttctg gaacacgttg ctttgcccag tcagtgggtg tgagggggta tagacagagc 780
 atgccacaca agccacagac ttaat 805

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1279 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

50 cggaagtagc cgcaggcatg gcggcggcta tgccgctgtt gctctgctcg tcctgttgct 60
 cctggggccc ggcgctggt gccttgcaaga acccccacgc gacagcctgc gggaggaact 120
 tgtcatcacc ccgctgcctt ccggggacgt agccgccaca ttccagttcc gcacgcgctg 180
 ggattcggag cttcagcggg aaggagtgtc ccattacagg ctctttccca aagccctggg 240
 gcagctgac tccaagtatt ctctacggga gctgcacctg tcattcacac aaggcttttg 300
 gaggaccgca tactgggggc cacccttcct gcaggcccca tcagggtgcag agctgtgggt 360
 ctggttccaa gacactgtca ctgatgtgga taaatcttgg aaggagctca gtaatgtcct 420
 ctcagggatc ttctgcgcct ctctcaactt catcgactcc accaacacag tcactccac 480
 55 tgctccttc aaaccctgg gtctggccaa tgacactgac cactacttcc tgcgctatgc 540

5 tgtgctgccg cgggaggtgg tctgcaccga aaacctcacc ccctggaaga agctcttgcc 600
 ctgtagttcc aaggcaggcc tctctgtgct gctgaaggca gatcgcttgt tccacaccag 660
 ctaccactcc caggcagtgc atatccgcc tgtttgcaaga aatgcacgct gtactagcat 720
 ctcttgaggag ctgaggcaga ccctgtcagt tgtatttgat gccttcatca cggggcaggg 780
 aaagaaagac tgggtccctct tccggatgtt ctcccgaacc ctcacggagc cctgccccct 840
 ggcttcagag agccgagtct atgtggacat caccacctac aaccaggaca acgagacatt 900
 agaggtgcac ccacccccga ccactacata tcaggacgtc atcctaggca ctcggaagac 960
 ctatgccatc tatgacttgc ttgacaccgc catgatcaac aactctcgaa acctcaacat1020
 ccagctcaag tgggaagagac cccagagaa tgaggccccc ccagtgcctt tctgcatgc1080
 10 ccagcgttac gtgagtggct atgggctgca gaagggggag ctgagcacac tgctgtacaa1140
 caccaccca taccgggcct tcccgggtgct gctgctggac accgtaccct ggtatctgcg1200
 gctgttacat ccactaccag cctgcccagg accggtgca accccacctc ctggagatgc1260
 tgattcagct gccggccaa 1279

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1923 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 20 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 30 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

40 gcgcaagaca caggaggccc aggccggcag tcaggacatg gcggcgattt gcagattcca 60
 atctctctgt ttctgcgccg attgaacacc caacattggc gaccgggagc gcggaaagtg 120
 atggctgtcg tcccgccgctc tctctcagga caggacgtgg gatcatttgc atatcttaca 180
 attaaagaca gaataccaca gatcttaact aaggttattg atacattgca tcgacataaa 240
 agtgaatttt ttgagaaaca cggagaggaa ggcgtggaag ctgaaaagaa agtatctct 300
 ctcttttcta aattacggaa tgaattgcaa acagataaac catttatccc cttggttgag 360
 45 aaatttggtg atactgatat atggaatcag tacctagaat atcaacagag tcttttaaat 420
 gaaagtgatg gaaaatcaag atggttctac tcaccgtggg tggtggtaga atgttacatg 480
 tatcgaagaa ttcattgaagc aattatccag agtccaccaa tcgattactt tgatgtattt 540
 aaagaatcaa aagagcaaaa tttctatggg tcacaggaat ccatcattgc tttatgtact 600
 cacctgcaac aattgataag aactattgaa gacctagatg aaaatcagct gaaagatgag 660
 50 ttttttaaac ttctgcagat ttcaactgtg ggaataaagt gtgatctgtc tctctcaggt 720
 ggagaaagta gttctcagaa taccaattga ctaaatcat tggaagacct aaaaccttc 780
 attttattga atgatatgga acatctttgg tcattgctta gcaattgcaa gaaaacaaga 840
 gaaaaagctt ctgctactag agtgtatatt gttctcgata attctggatt tgagcttggt 900
 acagatttaa tattagccga cttctgttg tctctgaac tggctactga ggttcatttt 960
 55 tatggaaaaa caattccatg gttgtttct gataactacta tacatgattt taattggttal1020
 attgaacagg taaaacacag taatcataag tggatgtcca agtgtggggc tgactgggaal1080
 gagtatatta aaatgggtaa atgggtttac cacaatcata tattttggac tctgctcat1140

5 gagtactgtg caatgcctca ggttgcaact gacttatatg ctgaactaca gaaggcacat1200
 ttaattttat tcaagggtga tttgaattac aggaagttga caggtgacag aaaatgggag1260
 ttttctgttc catttcatca ggctctgaat ggcttccatc ctgcaccact ctgtaccata1320
 agaacattaa aagctgaaat tcaggttggg ctgcagcctg ggcaagggga acagctcctg1380
 10 gcctctgagc ccagctgggt gaccactgga aaatatggaa tatttcagta cgatgggtccc1440
 ctttgacttg atttaggagc tctcagttgc atagaaagat ctggtgagca ccttttcac1500
 ccagaaaaag gagcacgtga attgagtcgc ctggcggctc tgtacgcgct cagggaagct1560
 tagcttcttg gtgcccctc acgtgcactg gatgattttt cttttgaaca ttttgcccca1620
 ctacactgtt tttggggata gctgggttaa gcaagttaaa gatatttaca tttatattgg1680
 15 agattttaag caactttttt tttagggtaa atatataatt tcaaagtgt tttaaatgga1740
 ccttaatttt gaagtgggtg ggccaaaaa ataaaggag ggctcctttg aggtaggtac1800
 ccttggcctt tcctaaaaaag cccctcaatg ggatttagat ccgggggggt ggggttattt1860
 tccttggtt ggccatgaaa atccttgga cggccttatg cccttttgaa aaggggggtt1920
 ttt 1923

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 706 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

40 cattttacga caggcgggat tgttttgtgg ctgtcagctt tctccgtggt ctgagtttgt 60
 ggctgcattt ttatctctgg tggctctgct acggcggcgc agaaatgagg cagaagcggal20
 aaggagatct cagccctgct gagctgatga tgctgactat aggagatgtt attaaacaac180
 tgattgaagc ccacgagcag gggaaagaca tcgatctaaa taaggtgaaa accaagacag240
 45 ctgccaaata tggcctttct gccagcccc gcctggtgga tatcattgct gccgtccctc300
 ctcagtatcg caaggtcctg atgcccaagt taaaggcgaa acccatcaga actgctagt360
 ggattgctgt cgtggtctgt atgtgcaaac cccacagatg tccacacatc agttttacag420
 gaaatatatg tgtatactgc cctggtggac ctgattctga ttttgagtat tccacccagt480
 cttacactgg ctatgagcaa cctccatgag agctattccg tgccagatat ggaccctttt540
 50 ccttacagga caaggacacc ggattagga cagtttaaaa caagttgggt tcgtagtgtg600
 gggtaagtgt ggagtttgtt tgtggatggg gtgggaactt tttggggccg ttccagagga660
 ttacagagtt atttttattt cggaagtta cgtgatgggt tttccg 706

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 749 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

gacctatcct catctgtgca aggaggagt gccaactctg gagcccaggc tgttgcttcc 60
tgggtctggtg gtgaatcctc catagtctgg tgagtgtagt gccaactct ggagcccagg120
atgttgcttc ccggtctggt ggtgaatcct ccatagtctg gagatctcag ccctgctgag180
25 ctgatgatgc tgactatagg agatgttatt aaacaactga ttgaagcca cgagcagggg240
aaagacatcg atctaaataa ggtgaaaacc aagacagctg ccaaatatgg cctttctgcc300
cagccccgcc tgggtggatat cattgcttgc cgtccctcct cagtatcgca aggtcttgat360
gccaagtta aaggcgaaac ccatacagaac tgctagtggg attgctgtcg tggctgtgat420
gtgcaaacc cagagatgtc cacacatcag tttacagga aatatatgtg tatactgccc480
30 tgggtgggac ctgattctga ttttgagtat tccacccagt cttacactgg gctatgagcc540
aacctccatg aggagctatt ccgtgccaga tatggaccct tttccttaca ggacaaggac600
accggattag gaacagttta aaacaagttg ggttcgtagt gtgggggtaa gtgggagttt660
gtttgtggat ggggtgggaa ctttttgggg ccgtccaga ggattacaga gttattttta720
tttcggaagt ttacgtgatg ggttttccg 749

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 857 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

```
accttaccaa ggggagaaaa aaaccctcca ctttggtcca ctgtgggttt ggcactaaga 60
ggcacgatat ctgaaggagg tcattccagt tttaaaagta cggacagtgc tgttggaact120
gaccacaaaa atgtattgtt aaaaaaaaaat tgaaaaccag cagtgtattg ggtccccctg180
10 aaacctctgt gaatcggagg tgggccagg aggtgacagg acgcagcaga aatagtcca240
gaaaggagag acgggtcatg cagcgggctt gtgctttttt gtgtgtgttt gtgtgtttta300
caccatacat ctccaaatga agtatattt aacaattgta gtgtaagcct gtgataaaat360
agcacaagg ttcttttaag aagttcactt ttaaggcatc agaaaagtta atgtggcaaa420
cattttaatt aaaacatcag aagtaaattt tattttaaac ttaaggcctc tgaatttttc480
15 cagtaaacac agttcagcta tgtggcaaaag tcaatgggtg gcattctaaa tgacttttta540
cattctacaa aaaaataaaa taaaataagg acacagcccc aaacggtgtc acctcttcgc600
ggcgcgtcca catgcacaga atctactagg atttgtcacg gccgggtggc acccgatttg660
ttttgactat acaacaaact tttttttcaa aagtatttgt tcaggataac tttaaaaata720
atataaaaat aaacaatgga ttgactttt ccctcaaaat tgaaaagaaa ggggtggggg780
20 gaggtgttaa ccattggcct tttttttttt ggaggggcc cattgggatt gtaaggccct840
ggggttcgag cctttcc 857
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 268 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```
ccgcgcgcgg cccccaggca attttaataa taaatcttaa tagatggggt aagagctgcc 60
ttcatcccat acagagaata caatggtgct agactaagta gagattttat ttcagcttaa120
agattctgtt tgatgtctga aattacatgt ttagcggaac tggggaacag gactgttctt180
50 tagcatcagt ttcacaatta ctttaattca ctagggttca ttcaccttat aattctgaaa240
ttcatcagc agtggggaac agaaaagg 268
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 297 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```
ctgatgtgca ctctagggtta gtaaccattt ttgtgaaaaa tttagagaaa ttctttgagc 60
agcttccact gaaacactaa aaccaatag ggccaaaggc ccataacctg aggaaacctt120
atattattgct taatccaaca taggctatga aagttttgag ttctctcttg tgtattagaal80
tttcattcct atttggttga gagagtatag tacggggaat cagtaaatta aatgaagtaa240
actaaagatt acacctttgc tgctggcact aagcgaaaag caaaaccagt ggctgtc 297
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 590 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

```

acgggtcaaaa tgataactca tgtatttttat tccaacaaca tttgggtttat aaaggaatac 60
aaacaggcac aaaacatggg tcagaagatt tattaagtaa acttgctaaa atatggacag120
atacaacttag cagtcaaaca gttgaatatt cattgctacc tcattaaagt ttttgtatct180
5 gtattaccag gtccaaacat aaaaaccacc tctgttcaaa aaataaatgt tcagagagct240
gtatgttctt tgttctggta tgtacatttt aaaaaaacac ctctttccag tcttgctaac300
caagaatatt agtcatataa aagaacttag aatttttttc cccaagtaca agctatcttt360
tgctccaaaa cagttctgaa ggtttttatt atattttatc ttatcccgag ggaccaacag420
caggcataacc tttgccaggc cttcttgtag aaagacacag agccgtaaag gcaaaaaataa480
10 aattgcaata aagtatatgg tattgggggc agggagaacc agaaaccctc aaggggacca540
atttttagca cgttcttttt ttagggttta ccctgtggag taagaactag 590

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1714 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```

ggaaggggaa gtttcgcctc agaaggctgc ctgcgtggtc cgaattcggt ggcgccacgt 60
ccgcccgtct ccgccttctg catcgcggct tcggcgggct ccacctagac acctaacagt 120
40 cgcggagccg gccgcgtcgt gagggggtcg gcacggggag tcgggcggtc ttgtgcatct 180
tggtacactg tgggtcgaag atgtcggaca tcggagactg gttcaggagc atcccggcga 240
tcacgcgcta ttggttcgcc gccaccgtcg ccgtgccctt ggtcggcaaa ctcggcctca 300
tcagcccggc ctacctcttc ctctggcccg aagccttcct ttatcgcttt cagatttgga 360
ggccaatcac tgccaccttt tatttccctg tgggtccagg aactggattt ctttatttgg 420
45 tcaatttata tttcttatat cagtattcta cgcgaactga aacaggagct tttgatggga 480
ggccagcaga ctattttatt atgctcctct ttaactggat ttgcatcgtg attactggct 540
tagcaatgga tagcagttg ctgatgatc ctctgatcat gtcagtactt tatgtctggg 600
cccagctgaa cagagacatg attgtatcat tttggtttgg aacacgattt aaggcctgct 660
atttaccctg gggtatcctt ggattcaact atatcatcgg aggcctcggt atcaatgagc 720
50 ttattggaaa tctggttgga catctttatt ttttcctaat gttcagatac ccaatggact 780
tgggaggaag aaattttcta tccacacctc agtttttgta ccgctggctg cccagtagga 840
gaggaggagt atcaggattt ggtgtgcccc ctgctagcat gaggcgagct gctgatcaga 900
atggcggagg cgggagacac aactggggcc agggctttcg acttgagagc cagtgaaggg 960
gcggcctcgg gcagccgctc ctctcaagcc acatttcctc ccagtgtctg gtgcgttaa1020
55 caactgcgtt ctggctaaca ctgttggaac tgacccacac tgaatgtagt ctttcagtac1080
gagacaaagt ttcttaaatc ccgaagaaaa atataagtgt tccacaagtt tcacgattct1140

```



```

cattcaagtc cttactgctg tgaagaacaa ataccaactg tgcaaattgc aaaactgact1200
acattttttg gtgtcttctc ttctccctt tccgtctgaa taatgggttt tagcgggtcc1260
tagtctgctg gcattgagct ggggctgggt caccaaacc ttcccaaag gacccttattc1320
tctttcttgc acacatgcct ctctccact tttcccaacc cccacatttg caactagaag1380
5 aggttgccca taaaattgct ctgcccttga caggttctgt tatttattga cttttgcca1440
ggcttggtca caacaatcat attcacgtaa ttttccctt ttggtggcag aactgtagca1500
atagggggag aagacaagca gcggatgaag cgttttctca gcttttgaa ttgcttcgac1560
ctgacatccg ttgtaaccgt ttgccacttc ttcagatatt tttataaaaa agtaccactg1620
agtcagttag ggccacagat tggattaat gagatacgag ggttgttgc ggtgtttgt1680
10 tccgagtaag tgagaaggtg agtggtattga ctac 1714

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1340 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```

ctcgagccgc tcgagccgaa tcggctcgag ctgaaaaagg gctacctgac cctgtcagac 60
agtggggaca aggtggccgt ggaatgggac aaagaccatg gggctcctga gtcccacctg 120
gcggagaagg ggagaggcat ggagctatcc gacctgattg ttttcaatgg gaaactctac 180
40 tccgtggatg accggacggg ggctcgtctac cagatcgaag gcagcaaagc cgtgcccttg 240
gtgattctgt ccgacggcga cggcaccgtg gagaaaggct tcaaggccga atggctggca 300
gtgaaggacg agcgtctgta cgtgggcggc ctgggcaagg agtggacgac cactacgggt 360
gatgtggtga acgagaaccc ggagtgggtg aaggtggtg gctacaaggg cagcgtggac 420
cacgagaact ggggtgtcaa ctacaacgcc ctgcgggctg ctgccggcat ccagccgcca 480
45 ggtaacctca tccatgagtc tgctgctgg agtgacacgc tgcagcgtg gttcttctg 540
ccgcgcgcgc ccagccagga gcgctacagc gaggaaggac gacgagcgca agggcgccaa 600
cctgtctgctg agcgctccc ctgacttcgg cgacatcgct gtgagccacg tcggggcggt 660
ggtccccaact cagggcttct cgtccttcaa gttcatcccc aacaccgacg accagatcat 720
tgtggccctc aaatccgagg aggacagcgg cagagtcgcc tctacatca tggccttcac 780
50 gctggacggg cgcttctgt tgccggagac caagatcgga agcgtgaaat acgaaggac 840
cgagttcatt taactcaaaa cggaacact gagcaaggcc atcaggactc agcttttata 900
aaaacaagag gagtgcactt ttgttttgtt ttgttctttt tggaactgtg cctgggttg 960
aggtctggac agggagccca gtcccgggcc ccatagtggg gcgggcactg gacccccggg1020
ccccacggag gccgcggtct gaactgctt ccatgctgcc atctgggtgt gatttcgggtc1080
55 acttcaggca ttgactcaag gcctgcctaa ctggctgggt cgtttcttcc atccgacctc1140
gtttcttttc tttcctatgt tcttttgttc agtgaatatc cctagagctc ctaccatagt1200
tcaggcccta tgcctcacc tgagaacgca gtaagcatga aggtggacct ggtttgctgg1260

```

gaacccgagg gctaaccccc tttttcttcc caaatttggg gccttggaag aatcagggtcc1320
agccctgaag atccttgggg 1340

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 765 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

30 caggattgaa acaagatggc gggttcgtgg tgagaagccg tcaaggagta gaaattggta 60
tgcttagaag cagattctaa aagcagtttc tcttcagaac atcttttttc ataccacttg120
ataagcatct tgaaacacca tggctgtagc tgcagtaaaa tgggtgatgt caaagagaac180
tatcttgaaa cattttatttc cagtccaaaa tggagcttta tattgtgttt gtcataaatc240
tacgtattct cctctaccag atgactataa ttgcaacgta gagcttgctc tgacttctga300
tggcaggaca atagtatgct accacccttc tgtggacatt ccatatgaac acacaaaacc360
tatccctcgg ccagatcctg tgcataataa tgaagaaaca catgatcaag tgctgaaaac420
35 cagattggaa gaaaaagttg aacaccttga ggaaggacct atgatagaac aacttagcaa480
aatgttcttt actactaagc accgttggtg tcctcatgga cggtatcaca gatgtcgtaa540
gaatctgaat cctccaaaag acagatgatg cggaggttcc tgggggaatc aaagagaaat600
gtgcctcatt tgccatttga gaaaatgcag tctggtgtat tcagtaatat atagtaaagt660
aataatgata aaatatcttt tcatatatta gaatgtgtac ttttatataa agtaattctg720
40 gatttgacat tctcatttag ggggacctat tccttttttc gtttt 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1647 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```

gcagccggag taagatggcg gcgctgaggg ctttgtgcgg cttccggggc gtcgcccggc 60
aggtgctgcg gcctggggct ggagtcggat tgccgattca gccagcaga ggtgttcggc 120
15 agtggcagcc agatgtggaa tgggcacagc agtttggggg agctgttatg taccacagca 180
aagaaacagc ccactggaag cctccacctt ggaatgatgt ggaccctcca aaggacacaa 240
ttgtgaagaa cattaccctg aactttgggc cccaacaccc agcagcgcat ggtgtcctgc 300
gactagtgat ggaattgagt ggggagatgg tgcggaagtg tgatcctcac atcgggctcc 360
tgacccgagg cactgagaag ctcatggaat acaagaccta tcttcaggcc cttccatact 420
20 ttgaccggct agactatgtg tccatgatgt gtaacgaaca ggcctattct ctagctgtgg 480
agaagttgct aaacatccgg cctcctcctc gggcacagtg gatccgagtg ctgtttggag 540
aaatcacacg tttgttgaac cacatcatgg ctgtgaccac acatgccctg gaccttgggg 600
ccatgacccc tttcttctgg ctgtttgaag aaaggagaaa gatgtttgag ttctacgagc 660
gagtgtctgg agcccgaatg catgctgctt atatccggcc aggaggagtg caccaggacc 720
25 tacccttggg gcttatggat gacatttata agttttctaa gaacttctct ctcgggcttg 780
atgagttgga ggagtggctg accaacaata ggatctggcg aaatcggaca attgacattg 840
gggttgtaac agcagaagaa gcacttaact atggtttttag tggagtgatg cttcggggct 900
caggcatcca gtgggacctg cggaagaccc agccctatga tgtttacgac caggttgagt 960
ttgatgttcc tgttgggtct cgaggggact gctatgatag gtacctgtgc cgggtggagg1020
30 agatgcgcca gtccctgaga attatcgcac agtgtctaaa caagatgcct cctggggaga1080
tcaaggttga tgatgcaaaa gtgtctccac ctaagcgagc agagatgaag acttccatgg1140
agtcactgat tcatcacttt aagttgtata ctgagggcta ccaagttcct ccaggagcca1200
catatactgc cattgaggct cccaaggagc agtttggggt gtacctgggt tctgatggca1260
gcagccgccc ttatcgatgc aagatcaagg ctcttggttt tgcccatctg gctggtttgg1320
35 acaagatgtc taagggacac atgttggcag atgtcgttgc catcataggt acccaagata1380
ttgtatttgg agaagtagat cggtagcagc gggagcagcg tttgatcccc cctgcctatc1440
agcttcttct gtggagcctg ttcctcactg gaaattggcc tctgtgtgtg tgtgtgtgtg1500
tgtgtgtgtg tgtgtgtatg ttcatgtaca cttggctgtc aggccttctg tgcagtact1560
aaaaaaggag aaattataat aaattagccg tcttgcgccc ctaggcctaa aaaaaaaaaa1620
40 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 1647

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1166 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

10

```

cgccgcctgc gcggggggga gccagcaca gaccgccgc gggacccga gtcgcgcacc 60
ccagcccccac cgcccacccc gcgcgccatg gaccccaagg accgcaagaa gatccagttc 120
tcggtgcccgc cgccccctag ccagctcgac ccccgccagg tggagatgat ccggcgcagg 180
agaccaacgc ctgccatgct gttccggctc tcagagcact cctcaccaga ggaggaagcc 240
15 tccccccacc agagagcctc aggagagggg caccatctca agtcgaagag acccaacccc 300
tgtgcctaca caccaccttc gctgaaagct gtgcagcgca ttgctgagtc tcacctgcag 360
tctatcagca atttgaatga gaaccaggcc tcagaggagg aggatgagct gggggagctt 420
cgggagctgg gttatccaag agaggaagat gaggaggaag aggaggatgc agccaggctg 480
aagtctgaa ggtcatcagg cagtctgctg ggcaaaagac aacctgtggc cagggctctg 540
20 aagggccctg ggagcgccca cccctctg atgagtcga gagagatgga ggctctgagg 600
accaagtgga agaccagca ctaagtgagc ctggggagga acctcagcgc ccttccccct 660
ctgagcctgg cacataggca cccagcctgc atctcccagg aggaagtgga ggggacatcg 720
ctgttcccca gaaaccact ctatcctcac cctgttttgt gctcttcccc tcgctgcta 780
gggctgcggc ttctgacttc tagaagacta aggtgtgtct gtgtttgctt gtttggccac 840
25 ctttggtgta taccagaga acctgggac ttgctgcctg atgcccaccc ctgccagtca 900
ttcctccatt caccagcgg gaggtgggat gtgagacagc ccacattgga aaatccagaa 960
aaccgggaac agggatttgc ccttcacaat tctactcccc agatcctctc ccctggacac1020
aggagaccca cagggcagga ccctaagatc tggggaaagg aggtcctgag aaccttgagg1080
tacccttaga tccttttcta cccactttcc tatggaggat tccaagtcaa catttgtctg1140
30 aacggcttgt aacagggttc aggttg 1166

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 35 (A) LÄNGE: 487 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

ctcagatcgg tggacgtgct cgctccact cggggccagg tctatgtccc ggtttcccgc 60
agtcgcgggc agggcgccaa ggccggcagg ggaggggtgag cgggtcaagag acctccaggal20
agagcggctc tcggctgttt gcatcgccga tagagaagag aaaggatgca cgtcccaggal180
5 gggaggaaact actccaactt ttcctattca gaaacaaaga aaaaagatta ttcaagctgt240
gagggacaat tcattcctta ttgttactgg aaatacagga agtggtaaaa caactcaact300
cccaaaatat ctatatgaag caggggttttc acaacatggt atgattggtg taactcaacc360
acgaaaagta gctgctatat cagttgctca gagagtagct gaagaaatga aatgcacttt420
gggatccaaa gtaggatacc aagttcgttt tgatgattgc agttctaagg agacagcaat480
10 caaatat 487

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1630 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```

35 aaactgtgta atgccccatg taatccataa aattttaact tttccccta acgtttttgc 60
tgaaaaatgt tgggaaaccc tcaacacgcc ttcttgaaaa caattaaaat acttgaaacc 120
tgtgaacctt tcaaaaaaac ctcaggttgg gaaaagaccc ccaaaccttc ttttaaggat 180
catttgtctc gcccatcaca ggaatcttga aatgtttccc taggggtgtg aaaaattaac 240
40 ccagggggga atgaagcaca tttttctggc aaccaaactt gagttcctca gagaacagat 300
gcagagagac ctgctcctgc ttgcccggct acaggggcca ctgtggagtc aacttgaggc 360
tgtgaccggc cataagccca ggagagcccg tggcagctgt gccgaggcgc caggacctct 420
aagcgggaagc ttccaagct aggaatggag caacactgca atgaaatgtg tccaccaagc 480
tcattgttcc tcccgggtgc ttataaagct cagatgtata gtgacgtatg gacaaatata 540
45 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gcctttcttt ctcacaggca taagacacaa 600
attatatatt gttatgaagc actttttacc aacggtcagt ttttacattt tatagctgcg 660
tgcgaaaaggc ttccagatgg gagaccatc tctctgtgac tccagacttc atcacaggct 720
gctttttatc aaaaagggga aaactcatgc ctttctttt taaaaaatgc ttttttgtat 780
ttgtccatac gtcactatac atctgagctt tataagcgcc cgggagggaac aatgagcttg 840
50 gtggacacat ttcattgcag tggtgctcca ttcctagctt gggaagcttc cgcttagagg 900
tcctggcgcc tcggcacagc tgccacgggc tctcctgggc ttatggcccg tcacagcctc 960
agtgtgactc cacagtggcc cctgtagccg ggcaagcagg agcaggctct cctgcatctg1020
ttctctgagg aactcaagtt tggttgccag aaaaatgtgc ttcattcccc cctggttaat1080
ttttacacac cctaggaac atttccaaga tctgtgatg gcgagacaaa tgatccttaal140
55 agaaggtgtg gggcttttcc caacctgagg atttctgaaa gggtcacagg ttcaatattt1200
aatgcttcag aagcatgtga ggttcccaac actgtcagca aaaaccttag gagaaaactt1260

```

aaaaatatat gaatacatgc gcaatacaca gctacagaca cacattctgt tgacaagggal1320
 aaaccttcaa agcatgtttc tttccctcac cacaacagaa catgcagtac taaagcaatal1380
 tatttgtgat tccccatgta attcttcaat gttaaacagt gcagtcctct ttcgaaagct1440
 aagatgacca tgcgcctttt cctctgtaca tataccctta agaacgcccc ctccacacac1500
 5 tgccccccag tatatgccgc attgtactgc tgtgttatat gctatgtaca tgtcagaaac1560
 cattagcatt gcatgcaggt ttcataattct ttctaagatg gaaagtaata aaatatattt1620
 gaaatgtacc 1630

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1272 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

tgcgcgcgag cccgtgtccc cacggcgggc agcagcggcg gcggcggcgg ctgaacgcgg 60
 agggggcgga gggagccgc ggcgcggcga gcagctacag cgaaatggcg gagaccgtgg 120
 35 ctgacacccg gcggtgatc accaagccgc agaacctgaa tgacgcctac ggacccccca 180
 gcaacttctt cgagatcgat gtgagcaacc cgcaaacggt gggggtcggc cggggccgct 240
 tcaccactta cgaatcagg gtcaagacaa atcttcctat tttcaagctg aaagaatcta 300
 ctggttagaag aagatacagt gactttgaat ggctgcgaag tgaattagaa agagagagca 360
 aggtcgtagt tccccgctc cctgggaaag cgtttttgcg tcagttcctt ttagaggaga 420
 40 tgatggaata tttgatgaca attttattga ggaaagaaaa caagggtctg agcagtttat 480
 aaacaaggtc gctggtcac ctctggcaca gaacgaacgt tgtcttcaca tgtttttaca 540
 agatgaaata atagataaaa gctatactcc atctaaaata agacatgcct gaaatttggc 600
 aagaaggggc aaaaacgtga ctattaatga ttgataagca ccagtgaaga agttctaact 660
 tttagcatgc tgcacagaaa ctggtataac atgccttcag tatactaaca ctcatatgct 720
 45 cagttttggt ttgttttggc agttgacaag aagtttaattt gcttttagtaa aaatccctca 780
 ttccagcctt tctatataaa tagctctttc ttgctgtttt aatgtggtgc aactatagc 840
 ctcaaaaacc tgttattcca gtgtaactct cagtgtcgtg actaaagtta ctggcttggg 900
 cttatttgca cagtttttgc gtcttggttg cttcttgcac ctgattaact agaataattc 960
 tctttcccc ttttaatttg tgatgtcact tgacccatt tatgtgtagg agcactacac1020
 50 cattgggttc caatactgca cacataagat acataactgt gtgcagaaag tatcttctct1080
 caggcttgta atacccttca catggaagat taatgaggga aatctttata ttctgtataa1140
 aaacaaaagc aaatttatat actaaaatca tttgtctaaa aatttaagtt gttttcaa1200
 aaaaattaaa atgcatttct gatatgcaaa aaaaaaaa aagaaaaaga aaaaaagagg1260
 55 ggcggccgct ct 1272

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1914 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

25 tgcagcgcgt gcggtgctgcg ctactgagca gcgccatgga ggactctgaa gcactgggct 60
tcgaacacat gggcctcgat ccccggtcc ttcaggctgt caccgatctg ggctggctcg 120
gacctacgct gatccaggag aaggccatcc cactggccct agaagggaag gacctcctgg 180
ctcgggccccg cacgggctcc gggaagacgg ccgcttatgc tattccgatg ctgcagctgt 240
tgctccatag gaaggcgaca ggtccggtgg tagaacaggc agtgagaggc cttgttcttg 300
30 ttccctacaa ggagctggca cggcaagcac agtccatgat tcagcagctg gctacctact 360
gtgctcggga tgtccgagt gccaatgtct cagctgctga agactcagtc tctcagagag 420
ctgtgctgat ggagaagcca gatgtggtag tagggacccc atctcgcata ttaagccact 480
tgcagcaaga cagcctgaaa cttcgtgact ccctggagct ttgggtggtg gacgaagctg 540
accttctttt ttcttttggc ttggaagaag seqtcaagag tctcctctgg gaaggcagag 600
35 tcacttggcc cggatttacc aggcctttct catgtcagct acttttaacg aggacgtaca 660
agcactcaag gagctgatat tacataaccc gggtaccctt aagttacagg agtcccagct 720
gcctgggcca gaccagttac agcagtttca ggtggtctgt gagactgagg aagacaaatt 780
cctcctgctg tatgccctgc tcaagctgtc attgattcgg ggcaagtctc tgctctttgt 840
caacactcta gaacggagtt accggctacg cctgttcttg gaacagttca gcatccccac 900
40 ctgtgtgctc aatggagagc ttccactgct ctccagggtc cacatcatct cacagttcaa 960
ccaaggcttc tacgactgtg tcatagcaac tgatgctgaa gtccctggggg cccagtc aa1020
gggcaagcgt cggggccgag ggcccaaaag ggacaaggcc tctgatccgg aagcaggtgt1080
ggccccgggc atagacttcc accatgtgtc tgctgtgctc aactttgatc ttcccccaac1140
ccctgaggcc tacatccatc gagctggcag gacagcacgc gctaacaacc caggcatagt1200
45 cttaaccttt gtgcttccca cggagcagtt ccacttaggc aagattgagg agcttctcag1260
tgagagagaac aggggccccca ttctgtctcc ctaccagttc cggatggagg agatcgaggg1320
cttccgctat cgctgcaggg atgccatgct ctacgtgact aagcaggcca ttcggggaggc1380
aagattgaag gagatcaagg aagagcttct gattcttgag aagcttaaga catacttga1440
agacaaccct agggacctcc agctgctgcy gcatgacct cctttgcacc ccgagtggt1500
50 gaagccccac ctgggcatg ttctgacta cctgggtctc cctgctctcc gtggcctggt1560
acgccctcac aagaagcgga agaagctgtc ttctcttgt aggaaggcca agagagcaaa1620
gtcccagaac cactgcgca gcttcaagca caaaggaaag aaattcagac ccacagccaal680
gccctcctga ggttggtggg cctctctgga gctgagcaca ttgtggagca caggcttaca1740
cccttcgtgg acaggcgagg ctctggtgct tactgcacag cctgaacaga cagttctggg1800
55 gccggcagtg ctgggcccct tagctccttg gcaacttcaa gctggcatct tgcccctga1860
caacagaata aaaatttttag ctgccccaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa aaaa 1914

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 608 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

25
aatggaacca ggaattctta attaagcccg aagttcccaa gtctccttag cggaaaccgg 60
aaattgcccc aggaaagcaa agaggagat gaccagtgat acctccagtg ccagagggtca120
ctttgtggag ccaaattgctg gacatgggca gtcgagactc ggcatcttct gtccccgca180
ttaatgactc tcaggaaagga ggatgtaatt caaggcaagt ttctaattcc gaagctgcct240
30 gttcatgtta acaggacttc tttttattcg tcaagatgta ctggttccct ggcaccttaa300
gggaaatcct gataaaggca aacctgttga gccatttggc cccataggat cccaggaccc360
aagtcctgtg tttcatcggt actaccatgt gttccgtgag ggagaactgg aagggtgcctg420
caggactgtg agtgatgtca gaattctgca aagctactac gatcaaggaa actggtgtgt480
gattcttcaa aaggcctgat tatttacctg aacacatcat atataaagaa gaaatgctca540
35 cttaaaaaaa aaagagggga taaattaatt acccgtttaa ttaaagagaa aacttggtggg600
gaagtacc 608

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 2674 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```
10 tgaagagaag ttaaggtgaa gagccgaaga gcctgatgcy tgatgagcgt ctaagaaagg 60
   agaagcaaga gcagagaaga gagagagaaa gaacggggaga gagaaagga agaaagagaa 120
   aggaaaagac gaaggggaaga ggaagaaaga gaaaaagaaa gggctcgtga cagagaaaga 180
   agaaagagaa gtcgttcacg aagtagacac tcaagccgaa catcagacag aagatgcagc 240
   aggtctcggg accacaaaag gtcacgaagt agagaaagaa ggcggagcag aagtagagat 300
15 cgacgaagaa gcagaagcca tgatcgatca gaaagaaaac acagatctcg aagtcgggat 360
   cgaagaagat caaaaagccg ggatcgaaag tcatataagc acaggagcaa aagtcgggac 420
   agagaacaag atagaaaatc caaggagaaa gaaaagaggg gatctgatga taaaaaagt 480
   agtgtagaagt ccggtagtcg agaaaagcag agtgaagaca caaactga atcgaaggaa 540
   agtgatacta agaatgaggt caatgggacc agtgaagaca ttaaactctga aggtgacact 600
20 cagtccaatt aaaactgatc tgataagac tcagatcaga cagaggtaag tgtattgttt 660
   ctacttttga ttagggtctt ttgttactgt ttgacagtgc agcgtaagta tgcacatag 720
   aagatggaa taagccgagt aagaagacat acaaaagcct cttctgaagg aaaagacagt 780
   gtagtcctgc aaaacatttt gaggtacatt gttttgtctc agctattttg tagcagactc 840
   gtgcccccat tagtgtgcct ctttggaat tatcgccac atttgtaata tagtcgccat 900
25 tgaaaagtta attatccttt ttttagggat tttgatgtca tttctttttt ttttttaata 960
   aaaagggtga actgtttttt tttttctttt tgggtattaag tccatcttgt gttggtacat 1020
   tggcagagac atagtcttta aaaacttaaa tatttcggag gcacatgttg gactactttg 1080
   ttttaattaa actgctagta tttctttgtc aaggatgttt ctagtttttt gctttattgc 1140
   cttgcattct aatgcagttt gttctgtaac tcgagagcca gtagcattgg attgatggaa 1200
30 gtgtagggtt tatgaattat tgcagctgac taccatacct cacacagcgt tgggtgtgtg 1260
   agcggcccat gaaaagccaa attaaaaatc aaggattcag tcaaactaag caggactca 1320
   tgccaggtagc tcctttctct acccacatcc atgtttgaat gctattgcct gtgatcttta 1380
   cgcttaactg ttgtgtatct tttttgttct ttacaagaag tgcagagggg ttttttgtgt 1440
   attcggtgaa aacttataaa acaaatgtta acagaatgga attttttttc aactgtatgt 1500
35 agggctgacg ttgtggccag aattagatat ctttaaagaa ttttaaatac aataaacact 1560
   tcataattat cgccttgta cactcaatgc aattctcaag tctataagag gtatgtgctt 1620
   aatatttcct actgtgtagg agaatttgca gtcagccata ggtatgtagg aatagtcact 1680
   cactggctga tacatttaaa gcagcagtg gaatagcaag gacagacacc ttcaatttgt 1740
   gaaatcaaag aactgatgca ctatatagaa cgaatttggt tttttaagaa aatattaaaa 1800
40 gttaggtagt gtaagtgttc ttaaaacctg taaacttcat tctgtgggct agtgggtgtg 1860
   gacaaaatat tcctaataaa aggaagtacc aattagttga tttgttgggt gcattcccct 1920
   tttgggaaag caatgtaagg ttatgtctgt gtatgtcatt cacacttagg caagcataca 1980
   caggcacatg gctttaagaa ccacactgat gccttgataa ttaaaaagaa tacaagcatt 2040
   ccatgtacac atgttaatta gcagtttagt actgggccaa cactttctca taaaaattgg 2100
45 ccttttacat gttgtctaat tatcattttt ccccaaattt tgcgtttagt gactactgtt 2160
   cgaagatttt tggaagaata ctgagaacgg cataaagtga agatcgacat ttaaaaaatg 2220
   aggtgaaaga aagctatagt ggcatagaaa aagtataaag ctcagttagt ttttttatta 2280
   ttattattat taaaagttaa ttcaggactg atgtgaccta ccagatttca gaacatgtgt 2340
   taatagtata tatgccactg aaaacttagg tctgtatca tacttttttc ttaaagactt 2400
50 ttttaagaaat attacttaaa catgtggctt gctcagtggt taattgcaag ttttcaactc 2460
   tggactttga aaacaggatt aaacgttagt attcgtgtga atcagactaa gtgggatttc 2520
   atttttacaa ctctgctcta cttagccttt ggatttagaa gtaaaaataa agtatctctg 2580
   actttctgtt acaaagttga ttgtctctgt cattgaaaag ttttagtatt aatctttttc 2640
   taataaagtt attgactctg aaaaaaaaaa aaaa 2674
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 326 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

gacaaatgag ggtttgcat gcagctcgtc atcttaagag ttactatctt cttgccctgg 60
tgtttcgccc ttccagtgcc ccctgctgca gaccataaag gatgggactt tgttgagggc120
tatttccatc aatttttccct gaccgagaag gagtcgccac tccttaccca ggagacacaa180
25 acacagctcc tgcaacaatt ccatcggaat gggacagacc tacttgacat gcagatgcat240
gcttctgcta cagcagcccc actgtggggg gcctgatggg tccgacaact gcatctcgcc300
aggaagatgc aagtggatta agcaca 326

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 888 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

ctcgtgcggt gatgttgagc agaagatata attcaaaaga gaaacagcca gtttgaaact 60
gttaccacac cagccccgaa ttgtggagat gaagaaagga agcaatggct atggtttcta120
tctgagggca ggctcagaac agaaaggta aatcatcaag gacatagatt ctggaagtcc180
5 agcagaggag gctggcttga agaacaatga tctggtagtt gctgtcaacg gcgagtctgt240
ggaaaccctg gatcatgaca gtgtggtaga aatgattaga aagggtggag atcagacttc300
actgttggtg gtagacaaag agacggacaa catgtacaga ctggctcatt tttctccatt360
tctctactat caaagtcaag aactgcccaa tggctctgtc aaggaggctc cagctcctac420
tcccacttct ctggaagtct caagtccacc agatactaca gaggaagtag atcataagcc480
10 taaactctgc aggctggcta aaggtgaaaa tggctatggc tttcacttaa atgcgattcg540
gggtctgccca ggctcattca tcaaagaggt acagaagggc ggtcctgctg acttggtgg600
gctagaggat gaggatgtca tcattgaagt gaatggggtg aatgtgctag atgaacccta660
tgagaagggt gtgtagataa tccagagcag tgggaagaat gtcacacttc tagtctgtgg720
aaagaaggcc tatgattatt tccaagccta agaaaaatccc tattgttccc tgcctggctg780
15 atgccagttg acagccctgc aggttctaaa gaaggaatag tgggtggagtc aaacctatgc840
tcgcacatgg caaaagaacg ggcggctatt gcagacggct aatttatg 888

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

```

atcacagggg tacaaccaga acacatacag tacttgaaaa attatttcca cctttggaca 60
cgacagttag cgcataattha tcactactat attcatggcc caaaaggaaa tgaaatacga120
45 acatcaaaag aagttgaacc tttcaacaat attgatattg aaatttctat gtttgaaaaa180
gggaagggtac ctaagattgt ca 202

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1225 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

```
20  gcccggtgga  gccggcgct  gccgcacgga  aggggaagcg  ctgaggcggt  ggggccaca  60
    gccatggcgg  agctgttgca  ggaggagctc  tcggtcctgg  ccgcgatttt  ctgcaggccc  120
    cacgagtggg  aggtgctgag  ccgctcagag  acagatggga  ccgtgttcag  aattcacaca  180
    aaagctgaag  gatttatgga  tgcggatata  cctctggaat  tgggtgtcca  ttgtccagtc  240
    aattatcctt  catgtctacc  tggatctctg  attaactctg  aacagttgac  cagggccag  300
    tgtgtgactg  tgaagagaa  gttacttgag  caagcagaga  gccttttgtc  ggagcctatg  360
25  gttcatgagc  tggttctctg  gattcagcag  aatctcaggc  atatcctcag  ccaaccagaa  420
    actggcagtg  gcagtgaaaa  gtgtactttt  tcaacaagca  cgaccatgga  tgatggattg  480
    tggataactc  ttttgcatth  agatcacatg  agagcaaaag  ctaaatatgt  caaaattgtg  540
    gagaagtggg  cttcagattt  aaggctgaca  ggaagactga  tgttcatggg  taaaataata  600
    cttgatttta  ctacaggagg  acagaaacaa  cctcaagggt  tacttgattc  ttcagaaaac  660
30  ctccaaagta  gatgtggact  caagtggaaa  gaaatgcaa  gagaaaatga  ttagtgtact  720
    gtttgaaaca  aaagtacaga  cagaacacaa  aaggtttctg  gcatttgaag  tcaaagagta  780
    ttcagcgttg  gatgaattac  aaaaggaatt  tgaaactgca  ggacttaaga  agcttttctc  840
    cgaatttgta  cttgctctgg  taaaatgaaa  tggaagacag  gaatctttta  gtaaaatagc  900
    agtgtttttt  gttgtttttg  cattggattt  ggggagtggt  taattgaaat  agtcaatttt  960
35  aaagtthctc  tgaagcaaaa  tgataggcat  cattctaact  tcaggaacaa  aagccagttc  1020
    tgttttatga  aatattaaac  atgaagaaaa  cttgtatatt  ctaatgtttg  ccaggaaagg  1080
    ctaggttcag  tagatgagac  attatttaaa  agataaattt  aaaaagatgg  taaatgaaca  1140
    cttgttttta  tagacaatat  ttgtttgaaa  ctatgtaatt  ttctggctaa  ttttcttgta  1200
    attaaatgat  tttttaaaaa  aagaa  1225
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1093 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

10 gagggcgggc ctgtttccgg ggaggcgcgt ggggcttgag gccgagaacg gcccttgctg 60
ccaccaacat ggagactttg taccgtgtcc cgttcttagt gctcgaatgt cccaacctga 120
agctgaagaa gccgccctgg ttgcacatgc cgtcggccat gactgtgtat gctctggtgg 180
tggtgtctta cttcctcatc accggaggaa taatttatga tgttattggt gaacctccaa 240
15 gtgtcgggttc tatgactgat gaacatgggc atcagaggcc agtagctttc ttggcctaca 300
gagtaaatgg acaatatatt atggaaggac ttgcatccag cttcctattt acaatgggag 360
gtttagggtt cataatcctg gaccgatcga atgcacaaa tatcccaaaa ctcaatagat 420
tccttcttct gttcattgga ttctgtctgt tcctattgag ttttttcatg gctagagtat 480
tcatgagaat gaaactgccg ggctatctga tgggtagag tgcctttgag aagaaatcag 540
20 tggatactgg atttgctcct gtcaatgaag ttttaaaggc tgtaccaatc ctctaataatg 600
aaatgtggaa aagaatgaag agcagcagta aaagaaatat ctagtgaata aacaggaagc 660
gtattgaagc ttggactaga atttcttctt ggtattaaag agacaagtgt atcacagaat 720
tttttttctt gctggcctat tgcataacca atgatgttga gtggcatttt ctttttagtt 780
tttcattaaa atatatcca tatctacaac tataatatca aataaagtga ttatttttta 840
25 caacctctt aacatttttt ggagatgaca tttctgattt tcagaaatta acataaaatc 900
cagaagcaag attccgtaag ctgagaatc tggacagtgt atcagcttta cctatggtgc 960
tttgcttta actagagtgt gtgatggtag attatttcag atatgtatgt aaaactgttt1020
cctgaacaat aagatgtatg aacggagcag aaataaatac tttttctaata taaaaaaaaa1080
aaaaaaaaa aaa 1093

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 309 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

cacaaagtga ttgtggtatg gaacaatatt ggagagaagg caccagatga gttatggaat 60
 tctctagggc cccaccctat ccctgtgatc ttcaaacaac agacagcaaa caggatgaga120
 aatcgactcc aggtctttcc tgaactggaa accaatgcag tgttgatggt agatgatgac180
 acactcatca gcaccccaga ccttggtttt gctttctcag tttggcagca atttcctgat240
 5 caaattgtag ggatttggtt cctagaaagc acgtctttta ctttcattca aggtatctac300
 agttattgg 309

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 380 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

ctcatctgat cccttttatg gccaaatcat ccttcagagt agggaaact cagacattct 60
 gtgcatggtg ttccccaaa gcatggatc cacaaagtcc tgagttctgg tgtgtgctcc120
 cgctcctggt gtatacagag agaaggcagg aatcaggagt tccagaagca tatacatgtg180
 35 gctacccag caacaagcgg catcctgtgc tcagataagc tgcattggtg ggaagtgtt240
 ttccctgcac gttgaggctt agtggagatg ggcaccactg ccatttgctc agaagaaggc300
 tggctcgggc ctaactgcat ccacactgc ccagatcatt ctagataggt tattttctga360
 atgtttatag atttcttata 380

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1253 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```
10      gcggcccgac tccagttagg agccttgatg ccggagggga cagtgggtcg ccgagagcgc 60
      ccggagggaa ccgcctggcc ttcggggacc accaattttg tctggaacca ccctcccggc 120
      gtatcctact ccctgtgccg cgaggccatc gcttcaactg aggggtcgat ttgtgtgtag 180
      tttggtgaca agatttgcat tcacctggcc caaacccctt ttgtctcttt gggtagaccg 240
15      aaaactccac ctcaagtttt cttttgtggg gctgcccccc aagtgtcggt tgttttactg 300
      tagggctctcc ccgcccggcg cccccagtgt tttctgaggg cggaaatggc caattcgggc 360
      ctgcagttgc tgggcttctc catggccctg ctgggctggg tgggtctggt ggcctgcacc 420
      gccatcccgc agtggcagat gagctcctat gcgggtgaca acatcatcac ggcccaggcc 480
      atgtacaagg ggctgtggat ggactgcgtc acgcagagca cggggatgat gagctgcaaa 540
20      atgtacgact cgggtgctcgc cctgtccgcg gccttgacag ccactcgagc cctaattggtg 600
      gtctccctgg tgctgggctt cctggccatg tttgtggcca cgatgggcat gaagtgcacg 660
      cgctgtgggg gagacgacaa agtgaagaag gccgtatag ccatgggtgg aggcataatt 720
      ttcacgtggg caggctctgc cgccttggtg gcttgctcct ggtagggcca tcagattgtc 780
      acagactttt ataacccttt gatccctacc aacattaagt atgagtttgg ccttgccatc 840
25      tttattggct gggcagggtc tgccctagtc atcctgggag gtgcactgct ctctgttcc 900
      tgtcctggga atgagagcaa ggctgggtac cgtgcacccc gctcttacc taagtccaac 960
      tcttccaagg agtatgtgtg acctgggata tccttgcccc agcctgacag gctatggggag 1020
      tgtctagatg cctgaaaggg cctggggctg agctcagcct gtgggcaggg tgccggacaal080
      aggcctcctg gtcactctgt cctgcactc catgtatagt cctcttgggt tgggggtggg 1140
30      ggggtgccgt tgggtgggaga gacaaaaaga gggagagtgt gctttttgta cagtaataaa 1200
      aaataagtat tgggaaacaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1253
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 439 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

ctaaggggag gacaggcaga aaccaggaat gccaaacttaa acctgttttg tgctctgact 60
gtttgttagt atcactctca agaatgaaga gaaacctcaa cctttctgtt tccggccaac120
5 tttattgaat ttgttttttt aaatgcagtt tacatgcagt ttctttgaaa agtcatgttg180
aatttagatc tgttctctga gtaagacttg gcgagtatgt gaaacttgac tcaagttaca240
tttctttttt tctgtcccc aaacgttcac gcttcttata ggctccactt tgaggctctg300
atgaacattc cagtgcctgg gttggatgtc aatgatgatt ttgctgagga agtaacccaa360
10 caagaagacc tcatgagaga ggtgggaagg actttaactc ctgtttttct ggtggtttcc420
ctttggttgt accttttaa 439

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1252 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

```

35 tggacctgcc cgacgccctg ctgcccactg tgcccgcgct ggtgggcccc aagcagctga 60
tcgtgctggg aaacaaagtg gacctcctgc cccaggatgc tctgggtac cggcagaggc 120
tgccggagcg actgtgggag gactgtgccc gcgcgggct cctgctggcc cctggcacca 180
agggccacag cgccccgtca aggacgagcc acaggacggg gagaatccga atccgccgaa 240
40 ctggtccgcg acagtgggtc gggacgtgcg gctgatcagc gccaagaccg gctatggagt 300
ggaagagttg atctctgccc ttcagcgctc ctggcgctac cgtggggacg tctacttagt 360
gggcgccacc aacgccggca aatccactct ctttaacacg ctctggagt ccgattactg 420
cactgccaa ggtccgagg ccatcgacag agccaccatc tccccttggc cagggtactac 480
attaaacctt ctgaagtctc ctatttgcaa cccaactcct tacagaatgt taaaaggca 540
45 tcaaagactt aaaaaagatt caactcaagc tgaagaagat cttagttagc aagaacaaaa 600
tcagcttaat gtctcaaaa agcatggtta tgtcgttaga agagttggaa ggacattctt 660
gtattcagaa gaacagaagg ataaccattc ctttgagttt gatgctgatt cacttgctt 720
tgacatggaa aatgaccctg ttatgggtac acacaaatcc accaaacaag tagaattgac 780
tgacaaagat gtgaaagatg cccactggtt ttatgacacc cctggaatta caaaagaaaa 840
50 ttgtatttta aatcttctaa cagaaaaaga agtaaatatt gttttgccaa cacagtccat 900
tgttccaaga acttttgtgc ttaaaccagg aatggttctg tttttgggtg ctataggccg 960
catagatttc ctgcagggaa atcagtcagc ttggtttaca gtcgtggctt ccaacatcct1020
ccctgtgcat atcacctcct tggacagggc agacgctctg tatcagaagc atgcagggtca1080
tacgttactc cagattccaa tgggtggaaa agaacgaatg ggcaggattt cctcctcttg1140
55 ttgtgaaga cattaatgtt taaaagaaag gactgggggc aacctggaag cagtgggccc1200
acatcaaaag ttcctctgca ggtaatttta tgccaagcac tttttaaaaa gt 1252

```


(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 695 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

```
tggtcattgc ctcctgagcg tagtccagtt actttcaggc tcggggagtg aaggcctcgt 60
tgagagaagg tctcattcgg tgttttgga agagagtcgt gtgggccag gtatcgtagc120
ggcgacacga gagagacggg cgggtgtgaca gccttccact acctgcacga gtgtattggt180
30 ctgtctgcta tcagctatgc cgtgcccgt tgcgctgcag acccgcttg ccaagagagg240
catcctcaaa catctggagc ctgaaccaga ggaagagatc attgccgagg actatgacga300
tgatcctgtg gactacgagg ccaccagggt ggagggccta ccaccaagct ggtacaaggt360
gttcgaccct tcctgcgggc tcccttacta ctggaatgca gacacagacc ttgtatcctg420
gctctcccca catgaccca actccgtggt taccaaatcg gccaagaagc tcagaagcag480
35 taatgcagat gctgaagaaa agttggaccg gagccatgac aagtcggaca ggggccatga540
caagtcggac cgcagccatg agaaactaga caggggccac gacaagtcag accggggcca600
cgacaagtct gacagggatc gagagcgtgg ctatgacaag tccaggaacg ggattcggga660
ccgcgggtat gaccaagcag accgggaaga gggcc 695
```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2514 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

```
10  cggcgacggc gcgggggcag ctgggaatcc ggaatgctgc ccgatggccc tgggtcctcg 60
    ctgtggggca atccgggctt gcagacgagt tttagaaaga gcgttttcgc tacgtaaagc 120
    acattcgata aaggatatgg aaaatacttt gcagctggtg agaaatatca tacctcctct 180
    gtcttccaca aagcacaaag ggcaagatgg aagaataggc gtagttggag gctgtcagga 240
15  gtacactgga gcccataatt ttgcagcaat ctgagctctc aaagtgtgac agccccaatg 300
    ctgttcatga ggtggagaag tggctgcccc ggctgcatgc tcttgcgta ggacctggct 360
    tgggtagaga tgatgcgctt ctcaaaaatg tccaggcat tttggaagt tcaaaggcca 420
    gggacatccc tgttgcacg gacgcgtga gttgacttct ctctcctgg ctggactcc 480
    cggaaggcct gtgcagtga cagcgctcct tgttctgtgc aggatggcct gtggtaggtc 540
20  gctcagcagc cggccctcat ccatggctac cggaaggctg tgctcactcc caaccacgtg 600
    gagttagca gactgtatga cgctgtgctc agaggcccta tggacagcga tgacagccat 660
    ggatctgtgc taagactcag ccaagccctg ggcaacgtga cgggtgtcca gaaaggagag 720
    cgcgacatcc tctccaacgg ccagcaggtg cttgtgtgca gccaggaagg cagcagccg 780
    aggtgtggag ggcaagggga cctcctgtcg ggctccctgg gcgtcctggt aactgggcg 840
25  ctcttctgtg gaccacagaa acaaatggg tccagccctc tcttgggtggc cgcgttggc 900
    gcctgtcttc tcaccaggca gtgcaaccac caagccttc agaagcacgg tcgctccacc 960
    accacctccg acatgatcgc cgaggtgggg gccgccttca gcaagctctt tgaaacctga 1020
    gccgcgcgag accagaagta aacaggcacc ttggacgggg gagagcgtgt gtgtgatggg 1080
    aaaaaccgga cccacgcgtg tgctgaaggc gtacggtgct tgccagattt tcaacttgag 1140
30  cataaattgg ttgccattga gaatttaaga atctggaata ttgcagcttt tgggttaaact 1200
    taatgcacgg ttggagatgt tatggcgaca ctaaacaaag tattcctgaa ctttcccttag 1260
    ctcttggta gtaactggga agacagaaat gaagaaaatc acatgagaat gaagaattct 1320
    ttagcagctc aacagagttt ctggcctgc tccagatcg gcgaagttt tacttggtac 1380
    tctctctgcc ggcgcccttc gttcctcctc tgcttccctt ccctagtctt tcctccggca 1440
35  gggagctggg caggggtccc cgggtgtctc cctgagctcc gactgactg actgggtcca 1500
    tcagagggtc gcttcgttct ccagctcacc tctttttaa gtggtgacta gcttgggtgt 1560
    atctggctgc tgggtgttgg cttattgaca tactccaggg taatcaatga tgactttgtt 1620
    tggaaccctt tttggaggca ccatgggaac agaaggaaac atgagtgcg ctgacctgtg 1680
    agtgtgtggg tggggagctc tgagacgcct cctgtccac gctctccgt gtccgtgtct 1740
40  acacaggggt ccccatgata cccaccggcc ccagcagggc agaccggacc ggggacgggc 1800
    acggtgaagg gctgcagcct ggggtctgac gtggccccta gtgctgtctc aggagaaggc 1860
    tctgagggac ttgaggcatg ctgggccttg tgacgtgat gcgctaagga gacccgggga 1920
    aagacagtat cgtggtcacg tatgcttagg aagcagcaca gccgtgtcct tagggatgtt 1980
    cgcgccagt aaagacactg gtaactgcgg tttagccaa cactcttcat ggcagtgtcg 2040
45  acctcgggtt agcttctgtt gtcttctgtg atggttttcc tggagcggcc tgacgttgac 2100
    gtgttctctg gtcccatgtc tttagcgggc atggtacggt ttcgtgctg acgcgtgcac 2160
    tagggtgttc tcttatactt tcagtagcat ctttccacag caagggcaa accctcctgg 2220
    ttcccttcag agtctttttg gcctgatgat gactcttgag tgataccctg tgatgcagac 2280
    atgcccaga tggattctac tttctttaa actagggact ttcaagatta aaaaaagat 2340
50  tgtcactact aatttgacgc ctaacttcag aagcttcaact gtctacatgt gaacttttcc 2400
    agaaaaactg tgccatggac atttttctc tggggaatta acatctaaat tctgtaact 2460
    attaaaagac agatctggtt aatttaaaaa aaaaaaataa aaaaaataa 2514
```

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 274 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```
cagagatctg ctgtgattat tccttttcac aaaccacaat gactctggaa aacctggctg 60
taaacaccag cactgccacc agctaaggat ctgtgatcag gagtgccatc tcacggtaac120
aggcagaaga caaaagtga accgggctga tgcgaatcac tgggaaactg gctttggcac180
ctccagagaa tgaactgttt catagcctag ctgaccatcc atgaaaatgg ctgcctggag240
aggcagtgat cagcccatc cctgcaagg gaag 274
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 449 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

```
cggggttagc ggcagctctt cgggattggt tccattgcc aacctaacct gctggcctat 60
gaacggtaca ttcgctgggt ccatgccaga gtgatcaatt ttcctgggc ctggagggcc120
```

attacctaca tctggctcta ctcaactggcg tgggcaggag cacctctcct gggatggaac180
aggtacatcc tggacgtaca cggactaggc tgcactgtgg actggaaatc caaggatgcc240
aacgattcct cctttgtgct tttcttattt cttggctgcc tgggtgtgcc cctgggtgtc300
5 atagccatt gctatggcca tattctatat ttccattcga atgcttcgtt ggtgtggaag360
atcttcagac aattcaagt atcaagattt taaaatatga aaagaaactg gccaaaatgt420
gcttttaatg atattcacct tcctggtcg 449

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 346 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

35

atataacatc tgaattggga gatagctcat tgtggcctgg gtgctggact tttcatatta 60
agtccgtgtct tagccaaggg agaagaatgt aaggataaga ccaccaatat cacaggggct120
gtctgagcct ttacctgtga ttttgtacca ctctgtggcc ttctggagca atggacaacc180
aagtcagcta tgcagttcat aaaagtggac ctggttatat gtcaccaac agcatatggt240
ccctgcaagc ctgttttgga agccaatatt ctataaccta caggaatcca cttgaatctg300
atgtccttg aagcaatata tttcccagg gttccaatgg actacg 346

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1329 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

10

```
cccccatca gttcgaattt ctgcagtga agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
gtctcagaga gtacccacgt gctccagccc ttccctcccca gcacccctga tggcttaatt 120
cacctagcag ccaggttcag ctccagaggtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcac 180
gtttgtacag tagacccga attcacagca agcatggaaa gcaaatctg ccccttcacc 240
15 atcgccattt tctaaaagta cagtaatgat ccgctcgtcg cctcactggc tcaggacac 300
ttcaaggagc tgtcccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc 360
actctggcca gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggtt ttgtgcgaca 420
ccattgatat cctgacaaca gtagtacgaa atacaaagcc tcccctttcc cagcttctca 480
tctgccaaagc tttccctgct gtggcacagt gtacccttca cacagatgac aatgccatca 540
20 gtgcagaatg ggggagagtg cttgctgggccc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc 600
cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag 660
ctccctggacc ccgcacctc agagttcact gcggcctttg tgggcccgcct tgtttccacc 720
ctcatctcca aggcaggcgc ggaactcggg gagaatctag accagattct tcgtgccatc 780
ctcagtaaga tgcagcaggc agagacgtc agtgtcatgc agtccctgat catggtgttc 840
25 gctcatctgg tgcacactca gctagaacct ctcttgagat tctgtgtgag cctcccagga 900
cctactggca aacctgctct agagtttgtg atggctgagt ggacaagccg acagcacctg 960
ttctatggac agtatgaagg caaagtcagc tctgtggcac tctgtaagct gctccagcat 1020
ggcatcaatg cagatgacaa acggctacag gatatccgtg tgaagggaga ggagatctac 1080
agcatggatg agggcatccg caccgctct aagtcagcca aaaaccaga acgctggaca 1140
30 aacattcctt tgctgggtcaa gatcctaaag ctgatcatca acgagctctc caacgtcatg 1200
ggaggctaag gccgctccgc caggccactc ctgcagagtg ggagtcaaa gtgcacgaag 1260
gccccttact tcccaggaag acttttagcc tgggcagatc aagttacaaa ttgtcaaatt 1320
atccaggaa 1329
```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 805 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

5 gcccccatca gttcgaattt ctgcagtga agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
gtctcagaga gtaccacagt gctccagccc ttctcccca gcatccttga tggcttaatt120
cacctagcag ccaggttcag ctccagagtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatc180
gtttgtacag tagaccccgga attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc240
atcgccattt tcctaaagta cagtaatgat ccgctcgtcg cctcactggc tcaggacatc300
ttcaaggagc tgtcccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc360
10 actctgggtca gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggct ttgtgcgaca420
cccattgata tcctgacaac agtagtacga aatacaaaagc ctccccttcc ccagcttctc480
atctgccaag cttccctgc tgtggcacag tgtacccttc acacagatga caatgccacc540
atgcagaatg gcggagagt gttgcgggcc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc600
cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag660
15 ctctgggacc cccgcacctc agagttcact gcggcctttg tgggcccgcct ttgtttccac720
cctcatctcc aaggcagggc gggaactcgg ggagaatcta gaccagattt cttcgtgcca780
tccttcagtt aagatggcag gaggt 805

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 420 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

45 accagggtcaa gctcacccca aactattacc ttogatgcat gtgttgtcat accctgtgga 60
gatctccaaa gtcaaaagca actgtcagac tcagagaagt atctgtgccc ctttaagata120
aaaggctccc cctatcaaga cccttgttcc ttaacgaatg caggaaaaca ggtctgccat180
agctggaatg aggtggtgtg gacaactgaa tatcaaggct ggacctcgtc aaccggtggg240
tgtatgtcct taaaaccata cattcacttc actaaagaaa gtacccccca taattgccag300
tataaccaat gtaatccagt gcaaatctct attctcattc caacttctac tgaccctaaa360
cctactttaa gttgcggtat atggcatggg agccgaaata gcaggggcac atcttattgg420
50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

(A) LÄNGE: 2143 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

20
cggcgcgcct tttttttttt ttttttaagt tgaacagaac atttttatttc tcagcaattc 60
tatgcgtaca aattaaacat gagatgaata gagactttat tgagaaagca agagaaaatt 120
cctatcaacc ccaaggagga ctcaaagtga ggctggaaga ggacttagaa gtagtatgaa 180
gtactctaag attttatcta agttgccttt tctgggtggg aaagttaaac cttagtgaact 240
25 aaggacatca catatgaaga atgtttaagt tggaggtggc aacgtgaatt gcaaacaggg 300
cctgcttcag tgactgtgtg cctgtagtcc cagctactcg ggagtctgtg tgaggccagg 360
gggtgccagcg caccagctag atgctctgta acttctaggc cccattttcc cctctgaaa 420
taagagggtt ggatcaaacg atctctgggg ccttagcatc tcaaactctg tggatccctc 480
tacttaccoc ttagagagcc ttactgggaa gtcagtcatt aatgatgtgg ccagttattt 540
30 gcaagtggta agagcctatt taccataaat aataactaaga accaactcaa gtcaaacctt 600
aatgccattg ttattgtgaa ttaggattaa gtagtaattt tcaaaattca cattaacttg 660
attttaaaat cagttttgtg agtcattttac cacaagctaa atgtgtacac tatgataaaa 720
acaaccattg tttctctgtt tttctaaaca gtcctaattt ctaacactgt atatacctt 780
cgacatcaat gaactttgtt ttcttttact ccagtaataa agtaggcaca gatctgtcca 840
35 caacaaactt gccctctcat gccttgcttc tcaccatgct ctgctccagg tcagccccct 900
tttgccctgt ttgttttgtc aaaaacctaa tctgcttctt gcttttcttg gtaatatata 960
tttaggggaag atgttgcttt gccacacac gaagcaaagt aaataaagac cacaagtgtt 1020
caaattctaa gccacttaat agcgttttgt acattaaaaa tgacaagggt tattataca 1080
gtagcctttt aaaaaattct cacacagaac agctttgtat ttagacttaa agctgttgct 1140
40 actttgctag tgacgtttgt gtaaacagtc agtgcctag gccattgatt gattgattgt 1200
cagaatcaga agtgactaca caagagcatt agccagactt ttcagtgaga acaggtaac 1260
ggctggcacc agcacttggt acagcacgtg gacaggacga cggaaccag agttctctgt 1320
ctctccttca cagcagatgg actcttctat aggtggctgt taatttacac aaagtatat 1380
tcagaaatca ggaagccccg tgcgccaac acttgaagga gaactatgtt ccagttttgg 1440
45 tgttgaactt ctacgaaat acctactacc aaaaattgtg acaccttatt agacacttcc 1500
aaagtacccc ccaaaagctg tttaaaagac cattccattt tttctacac aaagtgcata 1560
ctaaaatttc acaataatca tcttcagatg tacattttat ttagtacatt tcacagtttt 1620
cagtattcag tccctcatga acattttata gtcactctct cgccctgtt gtgaaatatg 1680
tgattccagt tcaattcaga gtgtatgatt ccgcttttca cgctgatcaa gtaattttat 1740
50 ggtgtctctt ttctgatctt caacattaaa aacatctatg tttctgtcat tccctgccag 1800
ggctgcttgc ttgtctgtct cagattctgc ttcattttca tccatgttgt agtcatcttc 1860
tcctctcagt ttctgttgtt ttctcccttc cccggcagct tctgtctct cctcctgtcc 1920
gtcggggatg acaagctggg ctgctcagg gccctccatc tctggatttt cctggctcac 1980
tgacagggca gcctgcacct gtgggtctg gccagttct ccggctcccc cgaagcctct 2040
55 tccacctaca ggtctgtctt caacacctgc tcccgccctg gtcctctcgg cagcctgtcc 2100
ctctgagggt ccgatcaaca ctgatctcat ggttcccttc cca 2143

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 450 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

```
25  tttttttaaa gccagctttt cttcagattt ttttgggtggg caggtcgtga aagacaggtg 60
    aggaagtaga tcttgggctc agcatgcctc taaaagtata atttcttttt tttaatgtgg120
    aaagaaatgc ataactctgt ttctgttctt gtccccctct ctgcctctgt ggtgcctgag180
    atactgggga tcccacagct ggggccactc agaggctacc aggaacgctt ccagtttgca240
    tctggctgtt agtgccagga ccagaaaccc acagacctct tcacagacct cctgaccgtg300
30  atgtccctga agcctggaag gtgtccacac aatgaagcag aattgagtga tgggggtgtt360
    tgtggaaccc agtgaaactg tgtaacaca gtggaactgt gttaattttg agtggaagtt420
    caagttccgt ggagttcatt gggcccgttt                                450
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 408 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

5
tgcaactgtg caccagctt gccagatttt tccccattac acccccagtg tggcatatcc 60
ttggtcccca gaggcacacc cttgatctg tggacctcca ggctggaca agaggctgct120
accagaaacc ccaggcccct gttactcaaa ttcacagcca gtgtggttgt gcctgactcc180
tcgccagccc ctggaaccac atccacctgg ggaggggcct tctgaatgga gttctgacac240
10 cgcagagggc aggccatgcc cttatccgca ctgccaggtg ctgtcggccc agcctggctc300
agaggaggaa ctcgaggagc tgtgtgaaca ggctgtgtga gatgttcagg gctagttcca360
accaagagtg tgctccagat gtgttggggc cctaacttgg cacagagt 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 311 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

40 tacagttttt atcagtgatc acatttttagt gtaatacatg aaactgaggc ttgatagaaa 60
acaggagaga aggcattgagt gcatggggta catagggaga tgagggcaag catcaccaag120
gagcggcagt gagatagacg ctctcatgga ctgctgcttt acaacctccc tggagagcaa180
tttaaaaata tgaatcaaga tccttttgat ccactaatca tccagaaatc tacacagaaa240
tatgcacaaa aatatgtggg catccattga ctttccaacc tcttctcttt ccagggggaa300
tattccttaa a 311

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 487 Basenpaare

50

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

15

```
gtcttttgaa atctgtttcc actacagcta tggtaagtc tatcagccgg tgctaccagg 60
agtcactgcc agggctgccg ttctcctgaa cccagtggc cagaatcata agccctgacc120
ccatccctag aaagatgagg tcccagcaat ggccagagca tttctacca gttctgtgag180
atagcacata aaaatagagt tctttgggca aaacttttg gaagcaatgc atcctacatg240
20 ggctgatatt cagcctgagc tgttctcaag aggagagtgg tactggcagt ttatggctga300
aatccattct gattggttgg agtctatgct ataccagttg ttaaaccatt tgagtatcac360
tcttgcatat tgttactatt atatttcctc tatatataga cagaaaggcc attttttagga420
tattaaaggc tctgaaaatt tctgcagtag acccaactga aggttctatt aaggcagggt480
tcctaaa 487
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 1902 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

50

```
gaggaaaaag aacaatgaac agcaacgata ttgactgtgc aactcagaca ttctgcaga 60
aaagacatat gttgctttac aagaaggcca aagaactatg gggccttccc agcatttgac 120
tgttcattgc atagaatgaa ttaaatatcc agttacttga atgggtataa cgcatgaatg 180
```

```

    tgtgatttta ttaggggcat ctgccaatc tctcactgtg gttccttctc tgactttgcc 240
    tgttcatcat ctaaggaggc tagatccttc gctgacttca ccattcctca aacctgtaag 300
    tttctcactt cttccaaatt ggctttggct ctttcttcaa cctttccatt caagagcaat 360
    ctttgctaag gagtaagtga atgtgaagag taccaactac aacaattcta cagataatta 420
5   gtggattgtg ttgtttgttg agagtgaagg tttcttggca tctgggtgct gattaaggct 480
    tgagtattaa gttctcagca tatctctcta ttgtcttgac ttgagtttgc tgcattttct 540
    atgtgtgttt cgtgacttgg agaacttaaa gtaatcgagc tatgccaaact tggggtggtg 600
    acagagtact tcccaccaca gtgttgaaag ggagagcaaa gtcttatgga taaaccctcc 660
    tttcttttgg ggacacatgg ctctcacttg agaagctcac ctgtgctgaa tgtccacatg 720
10  gtcactaaac atgttatcct taaaccccc gtatgcctga gttgaaaggg ctctctctta 780
    ttaggttttc atgggaacat gaggcagcaa atctattgct aagactttac caggctcaaa 840
    tcatctgagg ctgatagata tttgacttgg taagacttaa gtaaggctct ggctcccagg 900
    ggcataagca acagtttctt gaatgtgcca ttcgagaagg gagaccagg ttgtgagttt 960
    tcctttgaac acattgtctt tttctcaaag ttcctgcctt gctagactgt tagctctttg1020
15  aggacaggga ctatgtctta tcaatcacta ttattttcct gttacctagc atgggacaag1080
    tacacaacac atatttgtgt agtcttctaa aagactcctc tgattgggag accatatcta1140
    taattgggat gtgaatcatt tcttcagtgg aataagagca caacggcaca accttcaagg1200
    acatattatc tactatgaac attttactgt gagactcttt attttgcctt ctacttgcgc1260
    tgaaatgaaa ccaaaacagg ccgttgggtt ccacaagtca atatatgttg gatgaggatt1320
20  ctgttgccct attgggaact gtgagactta tctggatga gaagccagta ataaaccttt1380
    gacctgtttt aaccaatgaa gattatgaat atgttaatat gatgtaaatt gctatttaag1440
    tgtaaagcag ttctaagttt tagtatttgg gggattggtt tttattattt ttttcctttt1500
    tgaaaaatac tgagggatct tttgataaag ttagtaatgc atgttagatt ttagttttgc1560
    aagcatgttg tttttcaaat atatcaagta tagaaaaagg taaaacagtt aagaaggaag1620
25  gcaattatat tattcttctg tagttaagca aacacttgtt gagtgcctgc tatgtgcacg1680
    gcatgggccc atatgtgtga ggagcttgtc taattatgta ggaagcaata gatctcggtal740
    gttacgtatt gggcagatac ttactgtatg aatgaaagaa catcacagta atcacaatat1800
    cagagctgag ttatccccag tgtagcttcg ttggggattc cagtttctgg gaacgagagt1860
    tagggccatt ttatttaaaa gaaactcccg gttgagaccg gt
30                                     1902

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1048 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

55

```

ctcacogtcg tctacaccgt gttctacggc ctgctcttcg tgttcatcta cgtgcagctc 60
tggtggtgct tgcgttaccg ccacaagcgg ctgagctacc agagcgtctt cctctttctc 120

```

```

5  tgcctcttct gggcctcccg gcggaccgtc ctcttctcct tctacttcaa agacttcgtg 180
   ggggccaatt cgctcagccc cttcgtcttc tggtgtctct actgcttccc tgtgtgcctg 240
   cagtttttca ccctcacgct gatgaacttg tacttcaacgc aggtgatttt caaagccaag 300
   tcaaaatatt ctccagaatt actcaaatac cggttgcccc tctacctggc ctccctcttc 360
10 atcagccttg ttttctgtt ggtgaattta acctgtgctg tgctggtaaa gacgggaaat 420
   tgggagagga aggttatcgt ctctgtgcga gtggccatta atgacacgct cttcgtgctg 480
   tgtgccgtct ctctctccat ctgtctctac aaaatctcta agatgtcctt agccaacatt 540
   tacttgagtg ccaagggtc ctccgtgtgt caagtgactg ccacggtgt caccgtgata 600
   ctgctttaca cctctcgggc ctgctacaac ctgttcatcc tgctattttc tcagaacaag 660
15 agcgtccatt cctttgatta tgactggtac aatgtatcag accaggcaga tttgaagaat 720
   cagctgggag atgctggata cgtattattt ggagtgggtg tatttgtttg ggaactctta 780
   cctaccacct tagtcgttta tttcttccga gttagaaatc ctacaaagga ccttaccac 840
   cctggaatgg tccccagcca tggattcagt cccagatct tatttcttg acaaccctcg 900
   aagatatgac agtgatgatg acctggcctg gaacattgcc cctcagggac ttcaggggag 960
20 gttttgctcc agattactat gaggttggga caacaaacta acagcttcct ggcagaagca 1020
   gggacttttg aaagcctcaa agtttgga 1048

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 804 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

```

   gcccccatca gttcgaattt ctgcagttag agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
   gtctcagaga gtaccacagt gctccagccc ttctcccca gcatccttga tggcttaatt 120
   cacctagcag ccagttcag ctacagagtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatc 180
45 gtttgtacag tagacccga attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc 240
   atcgccattt tcctaaagta cagtaatgat ccgctcgtcg cctcactggc tcaggacatc 300
   ttcaaggagc tgtcccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc 360
   actctgggtc gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggct ttgtgcgaca 420
   gccattgata tcctgacaac agtagtacga aatacaaaag ctccccttc ccagcttctc 480
50 atctgccaag ctttcctgc tgtggcacag tgtacccttc acacagatga caatgccacc 540
   atgcagaatg gcggagagt cttgcgggcc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc 600
   cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag 660
   ctctgggacc ccgcacctc agagttcact gcggccttg tgggcgcctt tgtttccacc 720
   ctcatctcca aggcaggcg ggaactcggg gagaatctag accagatttc ttcgtgccat 780
55 ccttcagtta agatggcagg aggt 804

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 581 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

```
tctttgatca gatttagtgt cttaggtaat taaatcagaa agtctattta gctattctag 60
aagtgtatgt gtaggtattg ggtggttggg gttctttgag cgaacttgtc agaaactcca120
ttcttaacat cagaatcagg gcaggattga aaacattgtg gctggatctt gaaattgcta180
taacatctat tgcagaaaat gataggtcag atggatagca ataataatta tataatcagat240
cttagtaaca aaattacca gctttatcta gtggatata gtaaaagaat atttttaaat300
gtccagcatt gatgtatttt ctttaagaat tattacagta tataagcatt ctttgggaat360
acagtataaa aacataaatt ttttcgtatt ttttaatttt tttatttttt tggccaagga420
tgaatcctcc cctgtaaaat attgattttc gcctaaattt cgggggtttcc ctggcacata480
atagcactgg cccaacttc ggagatggcg gatgcgggta aaaagccaaa aggatggatg540
gggatccgga aatacgtggt ggaatggaag cgaatccaat a 581
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2042 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```
tggagatatt agtcagtttc tttagtgata tttgtttcct tgatgtgcct ttttgttttt 60
ctttgggggtt tttggaatcc ggatgctgtt gaagggcaat agcagactcc tccagctaag 120
agacaggaca tgttcttgag ccactgtagc tgttgaagct ggacaccaga cgctccctat 180
10 aacccccccg ccaggccata gcgtgtatgc atgtgcactt ccaccacag aggaggggtg 240
gaagccttga gaacctcaag aaagggtcgg attctgccat acctttgggt ctacctggg 300
actgctgggtt gccaacgtgt caaccagcct gtgttccctg ccaccacgc acttgcctgag 360
gtgtggctga ggcagaatca tgtgaatggg tgcaccaag gaggtcaggg ccctgcttgg 420
agaagaaata ctttagcatc atgaaaggga aagaacgtgc accccttttt tgtttcttta 480
15 gtgaatgcaa gatttaataa aagtgaataa tgagcttccc ctttgggagt ggagccaggt 540
gcagctcact gacagggttg acatcagtat gatgtgttgg actgaaactg tatgtctgta 600
ggtagggtgtg tgcctttttag ggcagaccac ggtggccacc ccatttctcc aagggtggtt 660
acctagcttg tgtatattag acattgccac cctcacctct ggccaaaaat tcttgattta 720
aaaagaaaaa tctattttgt taacgacagg ctctgttgta tgtgttacta tcccaaggct 780
20 ggattatttt atttatttaa aagtatttta atttccatat tggctttatt ctaatcccat 840
ccatccctgt ggagctgcag agcatcttca tgtgagtaga cggatggaca taaatagatt 900
catgctcatt taggaagctg ggagtttcgt gaagctgagg gtgagttcct gtgattcttg 960
ttcgcttcaa caaaaagtgg gagaccaagt ttttatagca aaagaccaa ttagctgtag 1020
agtcttgaat gcagaaaaaa attaccctag ctttcttagc acttagggtt ttgtgaggat 1080
25 tcagtgttta gcacagtgtt tggcacatag taagccctag taaatgttaa atattgttat 1140
tagtgtttcg taaaacttga gaaatagagc tgagctcatt cccttccctg tgattcaaaa 1200
ataataccta catgaaaaca tgattccaag ttgattgaat gttgtaggaa ttactggttt 1260
agagtagccc agttctcggc ctaccctgct ggttgggac ttactgtatt cttgaatgca 1320
ctggtttgaa aatatgccag acttcagccc ccaaggaaac aaggctgcaa gaatttatga 1380
30 actccagctg gaaaaggtaa aggtgacctt tggctagcca catactggac cttacccac 1440
tgacgtcttt cagaacattc caagggtttt cctcaaggaa catttttgag ctagaaatta 1500
aaatgggttc tctggcagac tgcaccctt gagtcaaagt taacagtatt ctttgaatg 1560
caataataga ggtttttctg cgttaaggga gaaggaaatga ccaattgaac ttacacattc 1620
cccaggcagg tccctttgcc ggccctaca ggctggggtg gccctcctg tcctcaggga 1680
35 tcagactccc agactggtta gttctgcatg tttccatcaa attaaagggtt attcctggc 1740
cgctcctg agaaaaccaa cccaccctg ccagctgggg gcaatggggc agggattttg 1800
gcctctcaga acagctccta gaggctgctc atgactgaat gttttcccaa atcacctaaa 1860
tatcgggttg ctttttggtt tgggggagag gatttagcct cttacttccc tgatggattc 1920
aaagttttat ctatctcctt atctcctgcc ctgtcttggc acaactctgg atagattgca 1980
40 ggtgtggaat ttgctggagt ttggtggctc cccaaattcc ttgatctgtc cgcaaagaga 2040
ag
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 430 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```
10 gttaaaaacc tagtattcat tttttttttt cctgtaccaa aacaatcatc ttccttttatt 60
   tttcctggag cgggaagagg agagtggaga agaaggggaag aatgcaaagt gtcactttga120
   acttctcggt caccacacac gtgggagtcg actcatgtca gcagcctccg tgcacaggcc180
   ccaggtgaaa gaaagaatga ggtctagttg gaccagctaa cactgcctgc cttgtgttta240
   cgaaaggcag ctgcctctgt ggtgtgattt caggggagcc agacagggcc ggggccacga300
15 acctgcatcc tgcctcctaa gcacctattt gccatgcggt gaggcctaac ttgggaaact360
   tcaatttgct tggggtgcag attagctttc caaactattg tgatgctcat gcttgacttc420
   ccaaggactt                                     430
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 592 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

```
45 aattaaaata aatagaaaca tacggagatt cttttatggt ggatttatta taccctccac 60
   cattttggtc cctgaaaagg gaaaagatac acggtcgagt agtacaggta tgtgtttccc120
   actacacatt atggctataa tggagttaga ttgcaaacag taaaattttg ttttgattg180
   gtttcccttg atccccccag acaggagctt cctctcccac cctacctgcc tgcccttaag240
   ttgtgtccta ttaaactgga cacaaatctc accggctttt agtctaataa ttgaatcata300
   gctacacacg gtgacaccag aatagctact tgttttttta tgttaccagt gagtaacttg360
   tttatccttg tatgtagaaa ctaatttcac catgatcaca gatctgtgta acatctctag420
   tttgaatttc cacacaattt taaaatgtct actaggaaaa cttacacctt tttgttccaa480
50 ggggtgctct catctattaa aaccgtgggg gcatacttcc agtgttgctt ctgagggccca540
   aattttgtgg gtcgtggggg acaattttgt attaacatac gttattttgt aa 592
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 674 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

25 aaggccgcgc aagtgcactt gcgtgtcacc gttaccgtag cgactgggct tctggactgt 60
atatacctagc tgccttgtca acatcttcga gcatcggcag ctccggaggc cggggtaact120
ggcagcaggt aggaaactat gtgaaagaat ctctgatgt cataatttcc ggggtgcacc180
ggaacatttg atcatcattc ctttggcaat tccagccttc tgtggaaagg ccagtagaaa240
gcattgattt attcacctct acaggaatca gactcagcct cttttggttt tcagtgaagt300
30 atgccttttc aatttggaac ccagccaagg aggtttccag tggaaggagg agattcttca360
attgagctgg aacctgggct gagctccagt gctgcctgta atgggaagga gatgtcacca420
accaggcaac tccggagggtg ccctggaagt cattgcctga caataactga tgttcccgtc480
actgtttatg caacaacgag aaagccacct gcacaaagca gcaaggaaat gcatcctaaa540
tagcaccatt agtccttttg tcaaggctctg actagggtcaa gggtaatgga ccagtatcat600
35 ctgggtgatct ggtaaacaaa taaaagtggg ggcaccttta gatgatgaaa aaaaaaaaaa660
aaaaaaaaaa aaaa 674

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 324 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
45 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```
10 gttcttttca ttccatcact ttaggtgatg ggtaagattt ttgaaagcct tatatatttt 60
   gatattgttg tctagtttaa tcctaccttt aatagttgtg tttggtaaaa ttcccacttg120
   aatgtgacac tgataataat tatgctgatt tttagcatct cttataggaa tcaaagttta180
   ttaaagttac atagaggatt gaaaaatgta tatcactcaa tttttatcta aggagggata240
   ggtataaag ggaggtacct aaatagctca aataatggat ataatccttt tttccataac300
15 catttgggat gctttaaggc aatt                                     324
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 709 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
35 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

```
   ggatgcggca ctataacatc cccgtcagag tgtgtgagga gaccagtcta tgagagacgc 60
   atgctcctga cagcctggcg acgtggcgaa gatgcacagg tggctcctgg gcttgggctg120
   caggtttggg ggtctctaag aacaatctct gagaagaacc cttgggcccc tgggagccaa180
45 gttggacagg atgtcctgaa gactagcttt tgataagaga aattaaccaa gtctttcccc240
   tcatctatga tgcaatatat ttcagtgggg gccttcagag cacacctgtt ggacggtgca300
   aaccatatct tctccagaag gcaaatactt ttgtatcaga ggaaactcag ttttgagagag360
   gaatatgttc tttatatctc aaatcaaaac tctctctaag ggtaaactgg cttctaattt420
   ttttaagtac agtatattttt ttcccccttt agtagtaacg ggtttctata gatcttccta480
50 tacagtctgc ttttaactcag gaccttgaga ttatgagact gacgtgctgc ccactgcact540
   gagggggctt ctaacagtct gctttaagtg gtataattct gggatagatc tgttactggc600
   atagtcatga caacctctgg taatcttacc ttctcctttt tatgaaggga agagcaatgg660
   tttggactta catctaaatt aaggctatct taagcagatt gttttgcaa 709
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 562 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

25 gtccagatgg aatgactccc atcctctcct catctcccct ttgacgagcc tcaaactgct 60
cagctcatca aagagccatt gccaaattcc gtatgtggtt ctgggtccca gggagccttg120
gaacctggca ccctggggtg gtttaattcc ggcacgagag cattcctgct tctcaaggga180
cacagtggcc tgcattggcc agcatggacc ctgggctgat catgtgcatt cctgcttctc240
tggggacaca gtggggccac atggggccagc atggaccctg ggctagagca agcacatctc300
30 catctcttcc acctcaggca gtgtggctcc agatgtcagg agggactgac ctcaggacct360
tccaggttcc tctgtgccag gaatgagagg ccaggcccga tcctaccacc tcgccttgac420
cctgaagtca gaggaggcca gccaaagcagg aagcacactg ttttaattttt tgcattggaaa480
gtaaatgtgt actttgatag ggtaaataaata tgggtctttt taagttgctc aaccccataa540
tttgagccat tgccttgctt aa 562

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 1948 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

```
gatcaccaag acacacaaag tagaccttgg gctcccagag aagaaaaaga agaagaaagt 60
ggtcaaagaa ccagagactc gatactcagt tttaaacaat gatgattact ttgctgatgt 120
ttctccttta agagctacat cccctcttaa gagtgtggcc catgggcagg cacctgagat 180
10 gcctctagtg aagaàaaaga agaagaaaaa gaagggtgtc agcacccttt gcgaggagca 240
tgtagaacct gagaccacgc tgcttctag acggacagag aagtcaccca gcctcaggaa 300
gcagggtgtt ggccacttgg agttcctcag tggggaaaaa aaaaataaga agtcacctct 360
agccatgtcc catgcctctg ggttgaaaaa ctcccagac cctagacagg gtgaggagga 420
aaccagagtt ggcaagaagc tcaaaaaaca caagaaggaa aaaaaggggg cccaggaccc 480
15 cacagccttc tcggtccagg acccttggtt ctgtgaggcc agggaggcca gggatgttgg 540
ggacacttgc tcagtgggga agaaggatga ggaacaggca gccttggggc agaaacggaa 600
gcggaagagc cccagagaaac acaatgggaa ggtgaagaag aaaaaaaaaa tccaccagga 660
gggagatgcc ctcccaggcc actccaagcc ctccagggtc atggagagca gccctaggaa 720
aggaagtaaa aagaagccag tcaaagttag ggctccggaa tacatcccca taagtatga 780
20 ccctaaggcc tccgcaaaga aaaagatgaa gtccaaaaaag aaggtagagc agccagtcac 840
cgaggagcca gctctgaaaa ggaagaaaaa gaaggagaga gagagtgggg tagcaggaga 900
cccttggaag gaggaacacg acacggactt agaggtggtg ttggaaaaaa aaggcaacat 960
ggatgaggcg cacatagacc aggtgaggcg aaaggccttg caagaagaga tcgatcgca1020
gtcaggcaaa acggaagctt ctgaaaccag gaagtggacg ggaacccagt ttggccagt1080
25 ggatactgct ggttttgaga acgaggacca aaaactgaaa tttctcagac ttatgggtgg1140
cttcaaaaac ctgtcccctt cggttcagccg ccccgccagc acgattgcaa ggcccaacat1200
ggccctcggc aagaaggcgg ctgacagcct gcagcagaat ctgcagcggg actacgaccg1260
ggccatgagc tggaagtaca gccggggagc cggcctcggc ttctccaccg cccccaaca1320
gatcttttac attgacagga acgcttccaa gtcagtcaag ctggaagatt aaactctaga1380
30 gttttgtccc cccaaaactg ccacaattgc tttgattatt ccatthtatgc tggagattac1440
aaattttttt tgtgaaaaaa tcagatcttg gtgaggacct cgagcagtaa gatataaata1500
actcccataa gcttagcggt ccagtaatgg aacactaggc ataaatgggt tattcagttg1560
tgcaaatgaa agccatctga cagttggctc acattgaaca cctgtggaga ttaaggacga1620
ggacaactat attgatgggc ttggatgaac tggggcaggg cagctcatat ttcgggagcc1680
35 aggagaacga gtgagtgcta aaacctcctg tttctgtgt taaacattcc gtccctgttt1740
gagacatcag tatgtacagt taacttttgt tgagtgttta gcaggacta gggacatact1800
agtgttttcc ttaatgtatt taatcttcat aattatgaaa tgggtgctat tattagcccc1860
atcttataga tgaggcaact gaggttcagg gataaagtaa taaaattgcc tggggtcacc1920
40 cagccactaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 1948
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 483 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```
10 aatttatggg gtctatcttt gaccacgtga taccacttac ctgattctat gtactgatta 60
   atgtatctaa cagttttata gtgaaagtac tttttaaaaa agtatttgaa tggtcatttc120
   tatttttccc cttttgctgt acaagttaat ttttactcat cttttgctgt acaaattaac180
   tttcatcaat acaaataaga ggctagtttt aagtcattt atttgcctg agcccaggaa240
   caattaaatt ctataaagta atgtattaaa atagtacact ttaaaaatta ttttccttct300
   ttttttctct ttaaatttta agaccatcat aataaattat cattacaaag tcaaacatac360
15 tatatactac tatcagtcaa tggggaaaaa ataagtccat atgttttatg ggtaaaatgc420
   tgtaatagat tgggattgtc caatttgcct tgaaaaaaat cacagcagtt tttagggttc480
   cct 483
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 437 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```
45 cccgcttgag gcgtaggggg tggcgtcttc cgttcggcgg cgctcccatg gcgcacatta 60
   ccattaacca gtacctgcag caggtgtacg aagccatcga cagcagagat ggagcatctt120
   gtgcagagtt ggtgtctttt aaacatcctc atgttgcaaa cccacgactt caaatggcct180
   ctccagagga gaagtgtcaa caagtcttgg aacccccctt tgatgaaatg tttgcagctc240
   atttaagggt cacttatgca gtgggggaatc atgacttcat agaggcatac aagtgccaga300
   ccgtgatagt ccaatcattc ttgcgagcat tccaggccca caaagaagaa aactgggctc360
50 tgctgtcatg tatgcagtag cgcttgacct ttcgagtgtt tgccaataat gcagttcaac420
   cagttgggta aggaagg 437
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 359 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 15 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

25 cagatctagg ggcttcagct gtgtgcagac cccatgccac ttcagggaag tgacacaggc 60
ctgtgtcatc tcgctttggc agcaggtggg tggccttcct caggggagga ggtggcctga120
gatgtgtttc aggtctttga cccatcactc cctacacaca cgacgtgaac accactcctg180
gagcattctc agaatggaga ttggaattcc atgtggcagc ttctcacaca caaacctgcc240
atcattcccc acacacccac tcacgacatt caacagccat gagccaaaag aagttccttg300
tttcagattt gaaggtttta tgaatccact tcttcggat gtagctcttt aatgatttt 359

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 501 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

tcggcgctcac atcctgagtc gcgcctctgc cgaggcgag cggacatgca ggctccccgc 60
ggcaccctag tcttcgccct ggtgatcgcg ctcggtcccg tcggccggga accttctagc120
5 caaggatctc agagtgtctt acagacatat gagctgggaa gtgaaaacgt gaaagtcctt180
atttttgagg aagatacacc ctctgttatg gaaattgaaa tggagagct tgataaatgg240
atgaacagca tgaatagaaa tgccgacttt gaatgtttac ctaccttgaa ggaagagaag300
gaatcaaadc acaaccacag tgacagttaa tcctaaacct gaatggcgct catgttttcc360
aagagaagca gcccttgagg gagtctgctg aggctgcaa cagaggatga agaggataga420
10 aatttaatta atttcaaadc aacatagaca caagaacctt ttgctgtttc ttccaacgcc480
cactcttctt aatgatggca t
501

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1102 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

```

cgggatctcc cgaaggaatt tacggggatt cctcggacca ttatcctcag gcaagaaaca 60
aaaccaaact tggactctcg tgcagaaaat gtagccatt accacatgta gccttgaga 120
cccaggcaag gacaagtaca cgtgtactca cagagggaga gaaagatgtg tacaaggat 180
40 atgtataaat attctattta gtcacacctga tatgaggagc cagtgttgca tgatgaaaag 240
atggtatgat tctacatatg taccattgt cttgctgttt ttgtactttc ttttcaggtc 300
atttacaatt gggagatttc agaaacattc cttcaccat catttagaaa tggtttgct 360
taatggagac aatagcagat cctgtagtat ttccagtaga catggccttt taatctaagg 420
gcttaagact gattagtctt agcatttact gtagttggag gatggagatg ctatgatgga 480
45 agcataccca ggggtggcctt tagcacagta tcagtaccat ttatttgtct gccgctttta 540
aaaaataccc attggctatg ccacttgaaa acaatttgag aagttttttt gaagtttttc 600
tcactaaaat atggggcaat tgtagcctt acatgtgttg tagacttact ttaagtttgc 660
acccttgaaa tgtgtcatat caatttctgg attcataata gcaagattag caaaggataa 720
atgccgaagt cacttcattc tggacacagt tggatcaata ctgattaagt agaaaatcca 780
50 agctttgctt gagaactttt gtaacgtgga gatgaaaaag tatcggtttt attctttgct 840
ctgttccttt ctgcttgaaa taacagtcac catacagcta aaggagagga gtttctttcc 900
ttctaagtag gcagaaatgg tatcattatg ttgccgtctt ccaatctccc agagctogct 960
ctctagagaa tcaccttctt tcgcgttttt tttttttttt gagggtagga gtctcactat1020
gttgcctcaa gactaggcct gggaactgtt ggggggcca ggggattgct cccgtcccgc1080
55 aggcctcccg agtaggccg ga
1102

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 306 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

gaccaacctt ccctgccatt tatacggcat aaaaccctca atctcaccag tatggctacc 60
aaaattatag gttcacctga aacaaagtgg attgatgcaa cttctggaat ttacaactca120
gaaaaatctt caaatctatc tgtaacaact gatttctccg aaagccttca gagttcta180
attgaatcca aagaaatcaa tggaattcat gatgaaagca atgcttttga atcaaaagca240
tcttgaatcc attttttttg aaaaacctta aaaagggcga tcacaatttt tttgaacaag300
ggatcat 306

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2042 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:105

```

5  tggagatatt agtcagtttc tttagtata tttgtttcct tgatgtgoot ttttgttttt 60
   ctttgggggt tttggaatcc ggatgctgtt gaagggcaat agcagactcc tccagctaag 120
   agacaggaca tgttcttgag ccactgtagc tgttgaagct ggacaccaga cgctccctat 180
   aacccccccg ccaggccata gcgtgtatgc atgtgcactt ccaccacag aggggggtgt 240
   gaagccttga gaacctcaag aaagggtcgt attctgccat acctttgggt ctaccttggg 300
   actgctgggt gccaacgtgt caaccagcct gtgttcctctg ccaccacgc acttgctgag 360
10  gtgtggctga ggcagaatca tgtgaatggg tgcataccaag gatttcaggg ccctgcttgg 420
   agaagaaata ctttagcatc atgaaagggg aagaacgtgc accccttttt tgttcttta 480
   gtgaatgcaa gatttaataa aagtgaataa tgagcttccc ctttgggagt ggagcccagt 540
   gcagctcact gacagggttg acatcagtat gtgtgttgg actgaaactg tatgtctgta 600
   ggtaggtgtg tgccttttag ggcagaccac ggtggccacc ccatttctcc aagggtgttt 660
15  acctagcttg tgtatattag acattgccac cctcacctct ggccaaaaat tcttgattta 720
   aaaagaaaag tctattttgt taacgacagg ctctgttgta tgtgttacta tcccaagcct 780
   ggattatttt atttatttaa aagtatttta atttccatat tggctttatt ctaatcccat 840
   ccatccctgt ggagctgcag agcatcttca tgtgagtaga cggatggaca taaatagatt 900
   catgctcatt taggaagctg ggagtttctg gaagctgagg gtgagttcct gtgattcctg 960
20  ttcgcttcaa caaaaagtgg gagaccaagt ttttatagca aaagaccaa ttagctgtag1020
   agtcttgaat gcagaaaaaa attacocctag ctttcttagc acttaggggt ttgtgaggat1080
   tcagtgttta gcacagtgtc tggcacatag taagccctag taaatgttaa atattgttat1140
   tagtgtttctg taaaacttga gaaatagagc tgagctcatt cccttctctgt tgattcaaaa1200
   ataataccta catgaaaaca tgattccaag ttgattgaat gttgtaggaa ttactggttt1260
25  agagtagccc agttctcggc ctaccctgct ggttgggatc ttactgtatt cttgaatgca1320
   ctggtttgaa aatatgccag acttcagccc ccaaggaaac aaggctgcaa gaatttatga1380
   actccagctg gaaaaggtaa aggtgacctt tggctagcca catactggac cttaccccac1440
   tgacgtcttt cagaacattc caagggtttt cctcaaggaa catttttgag ctagaaatta1500
   aaatgggttc tctggcagac tgcacccctt gagtcaaagt taacagtatt cctttgaatg1560
30  caataataga ggcttttctg cgtaagggg gaaggaatga ccaattgaac ttacacattc1620
   cccaggcagg tccctttgcc ggcccctaca ggctgggggt gccctcctg tcctcagggg1680
   tcagactccc agactgggta gttctgcatg ttccatcaa attaaagggt attccctggc1740
   cgccctcctg agaaaaacca cccaccctg ccagctgggg gcaatggggc agggattttg1800
   gcctctcaga acagctccta gaggtgctc atgactgaat gttttccaa atcacctaaa1860
35  tatcggtttg ctttttgggt tgggggagag gatttagcct cttacttccc tgatggattc1920
   aaagttttat ctatctcctt atctcctgcc ctgtcttggc acaactctgg atagattgca1980
   ggtgtggaat ttgctggagt ttggtggctc cccaaattcc ttgatctgtc cgcaaagaga2040
   ag
                                     2042

```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 320 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

aatcttttta ccatgaaatt tcttccagaa ttttccccct ttgacacaaa ttccatgcat 60
gtttcaacct tcgagactca gccaaatgtc atttctgtaa aatcttccct gagtcttcca120
10 agcagtaatt tgccttctcc tagagtttac ctgccatttt gtgcacattt gagttacagt180
agcatgttat ttacaattg tgactctcct gggagtctgg gagccatata aagtgggtcaa240
tagtgtttgc tgccttgaga gttgaatgac atttctctc tgttttggtta ttactgtaga300
tttcgatcat tctttggtta 320

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 506 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

gtcgaacagc aaagccaaga cttgttaaaa aggtttgaag aggaaggacc ataacaattg 60
40 aaagggggaa attataagat acagtaaatt cctcttcaaa gatttagcct gttgacttcc120
ttattctttg ttctcaaact cgacttcctt gttgtccatg cctccttgtc cctagttact180
gtgaacaacc ttcccaccag ttctaataca taactcacat ctgctccctt gggtaccac240
tctgcaccca ttcttccac tgaaactgca cttcccacca ctgtaactca catccccctt300
cccttcctta ttgggaaaag tattcacaaa tagccaatcg ggtcaactta gaatgagcgg360
45 tccaacccca gccctgggg gagtgacaca gaggtaggga ctgtgttagg gataaaaacc420
tttctcttct tttgttcagt gtgctgctgt gatcatgatt gatgcaggca gcagcctttt480
tgcagaagta aattgccttg ctgagg 506

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1276 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:108

```

20  gcgcggccgg cgcctgcggg gcgagagggg cggggcggaag gggaagctac gtcccggagg 60
    tgcggtgtgg ggcaccgggc ggggcccggg gaaccggcgc cccacggagc tgctgctgtc 120
    agaccaaccc cgggccccca tcatcactgc gccgcgcttt caggcgccga gaactaccgt 180
    tcccggcatg ccatgaaatt ggccctcggcg ctgaggcggg gtccggccct ccaccgctc 240
    ccgcccgcgc cgaatcgcgg tcgagagcca tggaggagga ggcatcgcc ccggggctgg 300
25  gctgcagcaa gccgcacctg gagaagctga ccctgggcat cacgcgcata ctagaatctt 360
    ccccagggtg gactgagggt accatcatag aaaagcctcc tgctgaacgt catatgattt 420
    cttcctggga acaaaaagaat aactgtgtga tgcctgaaga tgtgaagaac ttttacctga 480
    tgaccaatgg cttccacatg acatggagtg tgaagctgga tgagcacatc attccactgg 540
    gaagcatggc aattaacagc atctcaaaac tgactcagct caccagctct tccatgtatt 600
30  cacttcctaa tgcacccact ctggcagacc tggaggacga tacacatgaa gccagtgatg 660
    atcagccaga gaagcctcac ttgactctc gcagtgtgat atttgagctg gattcatgca 720
    atggcagtg gaaagtttg cttgtctaca aaagtgggaa accagcatta gcagaagaca 780
    ctgagatctg gttcctggac agagcgttat actggcattt tctcacagac acctttactg 840
    cctattaccg cctgctcctc acccacctgg gcctgcccc gtggcaatat gccttcacca 900
35  gcatatggcat tagccacag gccaaagcaat ggttcagcat gtataaacct atcacatca 960
    acacaaacct gctcacagaa gagaccgact cctttgtgaa taagctagat cccagcaaag1020
    tgtttaagag caagaacaag atcgtaatcc caaaaaagaa agggcctgtg cagcctgcag1080
    gtggccagaa agggccctca ggaccctccg gtccctccac ttcctccact tctaaatcct1140
    cctctggctc tggggaaacc ccaccggga agttgaggca cccttccttc caatttgct1200
40  aaccagtttc caggagtggg gtgggttttt ccgtggcaca ggttggggcc ttaggggggg1260
    ttggacgttc cathtt 1276

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 373 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

15 aaatacattt atgtttcttg aaatgtgtta agtggccttt gtcaagggtg ttataataga 60
agagtatata aaaatgaatt tctctagaga tgcagcatac tctaaagatc catcattaga120
taattaaaaa tatgtaagtc atgctaacaat ttccatataat aaatggagaa cattaactct180
cctactgttt agttataaaa taccaaattt tgtaattatc ctatctggaa ttacactata240
ctgcaaaaat gccagttact tcacttttaa atttgacaat gtatgtgatg aattataaaa300
tttaaatagcc tacatctttt cctccttgta tccaaatttc tccggacctt aatgcttaaa360
ccttttggtt acc 373
20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 492 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

45 gtcttttgaa atctgtttcc actacagcta tgggtcaagtc tatcagccgg tgctaccagg 60
agtcactgcc agggctgccg ttctcctgaa cccagtgcc cagaatcata agccctgacc120
ccatccctag aaagatgagg tcccagcaat ggccagagca tttctcacca gttctgtgag180
atagcacata aaaatagagt tctttgggca aaacttttgg gaagcaatgc atcctacatg240
50 ggctgatatt cagcctgagc tgttctcaag aggagagtgg tactggcagt ttatggctga300
aatccattct gattggttgg agtctatgct ataccagttg ttaaacattt tgagtatcac360
tcttgcatatc tgttactatt atatttcctc tatatataga cagaaaggcc attttaggaa420
tatttaaagg gctcttgaaa attttctggc attagaccga actgaagggt ctattaaggc480
agggttccta aa 492

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1678 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

gcctcagcag actccttggg cggtagcagg gagatggtgc aacggcccca gcctgcacag 60
gaaccgagca ggcttggatc tgccaacccat agacacggga tatgattccc agccccagga 120
tgctctgggc atcaggcagc tggaaaggcc cctgcccctc acctccgtgt gttacccccca 180
30 ggacctcccc agacctctca ggtccaggga gttccctcag tttgaacctc agagggtatcc 240
agcatgtgca cagatgctgc ctcccaatct tccccacat gctccatgga actatcatta 300
ccattgtcct ggaagtcccg atcaccaggt gccatatggc catgactacc ctcgagcagc 360
ctaccagcaa gtgatccagc cggctctgcc tgggcagccc ctgcctggag ccagtgtgag 420
aggcctgcac cctgtgcaga aggttatcct gaattatccc agcccctggg accaagaaga 480
35 gaggcccgca cagagagact gctcctttcc ggggcttcca aggcaccagg accagccaca 540
tcaccagcca cctaatagag ctggtgctcc tggggagtcc ttggagtgcc ctgcagagct 600
gagaccacag gttccccagc ctccgtcccc agctgctgtg cctagacccc ctagcaacc 660
tccagccaga ggaactctaa aaacaagcaa tttgccagaa gaattgcgga aagtctttat 720
cacttattcg atggacacag ctatggaggt ggtgaaattc gtgaactttt tgttggtaaa 780
40 tggcttccaa actgcaattg acatatttga ggatagaatc cgaggcattg atatcattaa 840
atggatggag cgctaccta gggataagac cgtgatgata atcgtagcaa tcagcccca 900
atacaaacag gacgtggaag gcgctgagtc gcagctggac gaggatgagc atggcttaca 960
tactaagtac attcatcgaa tgatgcagat tgagttcata aaacaaggaa gcatgaattt 1020
cagattcatc cctgtgctct tcccaaatgc taagaaggag catgtgcca cctggcttca 1080
45 gaacactcat gtctacagct ggcccaagaa taaaaaaac atcctgctgc ggctgctgag 1140
agaggaagag tatgtggctc ctccacgggg gcctctgccc acccttcagg tggttccctt 1200
gtgacaccgt tcatccccag atcactgagg ccaggccatg tttggggcct tgttctgaca 1260
gcattctggc tgaggctggt cggtagcact cctggctggt tttttctgt tctccccoga 1320
gaagccctct ggcccccagg aaacctgttg tgcagagctc ttccccggag acctccacac 1380
50 accctggtt tgaagtggag tctgtgactg ctctgcattc tctgctttta aaaaaacat 1440
tgcaggtgcc agtgteccat atgttccctc tgacagtttg atgtgtccat tctgggcctc 1500
tcagtgttat gcaagtagat aatgtaagg atgtggcagc aaatggaaat gactacaaac 1560
actctctat caatcacttc aggtacttt tatgagttag ccagatgctt gtgtatcctc 1620
agaccaaact gattcatgta caaataataa aatgtttact cttttgtaaa aaaaaaaa 1678

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 866 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:112

```
gtcgccatga ctgccaagga ctgctccatc atgattgcac tgtctccctg tctgcaggat 60
gccagctctg atcaaaggcc tgtggtccct tcacgaggt ccaggtttgc cttttccgtg120
tctgtgctgg accttgacct caagccctac gagagcattc cccatcagta taaactggac180
ggcaagatcg tcaactatta ttcaaagact gtacgtgcca aagacaacgc cgtgatgtcg240
actcggttca aggaaagcga agattgcaca ttagttctcc acaaggctca actctttccc300
tgcagtgctt ttgaaacttg aacataatgt gaaggctgaa tgatagagat attttctggt360
gtgttgggtg acctttggtt gtgaatgttt ttgcttttaa ccccttttga ggtgggattg420
cctcttgag acatggaatt gaagagcact agaaacaact tcctggacaa ggaatgtagg480
aagtgaagtgc tgtgtcccag gaagctgtc acactcttaa aatggaagt tccgttaagc540
cctgggaaga cgttctggat agttcttctt tcccaaccag ggctcatgtc tgattctcta600
atgcgaaaag cttattcta agaccgaagg tttggatctg ctaccaccag actcctaaca660
tagaaaaact gaattgtcac atacatttta cagtttgac ttttaagaaa acatggatac720
tactgggaac ttccccagc tgagttacat gggcactttt tcagtgcaag ccacatatca780
acacagggtt ttaagtggtg tgcttggtg cacacgtgaa ccccggtggc cccagatgc840
cgattctgag ccagtgtaga cccagg                                     866
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1434 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

10
gcgcggccgg cgcctgcggg gcgagagggg cggggcgaag gggaagctac gtcccggagg 60
tgccgtgtgg ggcaccgggc ggggcgcgga gaacggcgcc cccacggagc tgctgtgtgc 120
agaccaaccc cgggccccca tcatcactgc gccgcgcttt caggcgccga gaactaccgt 180
tcccggcatg ccatgaaatt ggcctcggcg ctgaggcggg gtccggccct ccaccgctc 240
15 ccgcccgcgc cgaatcgcgg tcgcgagcca tggaggagga ggcacgtcc ccggggctgg 300
gctgcagcaa gccgcacctg gagaagctga ccctgggcat caccgcgcatc ctagaatctt 360
ccccagggtg gactgaggtg accatcatag aaaagcctcc tgctgaacgt catatgattt 420
cttcctggga acaaaagaat aactgtgtga tgccctgaaga tgtgaagaac ttttacctga 480
tgaccaatgg cttccacatg acatggagtg tgaagctgga tgagcacatc attccactgg 540
20 gaagcatggc aattaacagc atctcaaaac tgactcagct caccacagtct tccatgtatt 600
cacttcctaa tgcacccact ctggcagacc tggaggacga tacacatgaa gccagtgatg 660
atcagccaga gaagcctcac tttgactctc gcagtgtgat atttgagctg gattcatgca 720
atggcagtg gaaagtgtgc cttgtctaca aaagtgggaa accagcatta gcagaagaca 780
ctgagatctg gttcctggac agagcggtat actggcattt tctcacagac acctttactg 840
25 cctattaccg cctgtctatc acccactgg gcctgcccc gtggcaatat gccttcacca 900
gctatggcat tagccacag gccaaagcaat ggctcagcat gtataaacct atcacctaca 960
acacaaacct gctcacagaa gagaccgact cctttgtgaa taagctagat cccagcaaag1020
tgtttaagag caagaacaag atcgtaatcc caaaaaagaa agggcctgtg cagcctgcag1080
gtggccagaa agggccctca ggaccctccg gtccctccac ttcctccact tctaaatcct1140
30 cctctggctc tggaaacccc acccggaagt gagcaccct ccctccaact ccctaccagc1200
tccagagtgg tggtttccat gcacagatgg ccctaggggt gacctccagt tttgcgtgtg1260
gaccgtaggc ctctttctag ttgaatgacc aaaattgtaa ggcttttagt cccaccgaca1320
ttagccaggc tcgtagttag gcctccagag caggttgtgc tgtccctgc ctctggaagc1380
aatggggaat gtggaatcaa gacaatgccc aaaaaatttt taatgcagct ggtc 1434
35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 914 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

5 ttggcagcgg ggagagggaa agaggaggaa atgggggttg aggaccatgg cttacctttc 60
 ctgcctttga cccatcacac cccatttcct cctctttccc tctccccgct gccaaaaaaa120
 aaaaaaaagg aaacgtttat catgaatcaa cagggtttca gtccttatca aagagagatg180
 10 tggaaagagc taaagaaacc accctttgtt cccaactcca ctttaccat attttatgca240
 acacaaacac tgtccttttg ggtccctttc ttacagatgg acctcttgag aagaattatc300
 gtattccacg tttttagccc tcagggttacc aagataaata tatgtatata taacctttat360
 tatttgctata tctttgtgga taatacattc aggtgggtgct gggtgattta ttataatctg420
 aacctaggtg tatccttttg tcttcacacg tcatgttgag gtgggctccc tggatatgga480
 aaaagccagg tataatgtaa cttcacccca gcctttgtac taagctcttg atagtggata540
 15 tactctttta agtttagccc caatataggg taatggaaat ttccctgcct ctgggttccc600
 catttttact attaagaaga ccagtgataa ttttaataatg ccaccaactc tggcttagtt660
 aagtgagagt gtgaactgtg tggcaagaga gcctcacacc tcactagggtg cagagagccc720
 aggccttatg ttaaaatcat gcacttgaaa agcaaaccctt aatctgcaaa gacagcagca780
 agcattatac ggtcatcttg aatgatccct ttgaaatttt ttttttggtt gggttggttt840
 20 aaaatcaagc ctgaggctgg gtggaaacag gtagcctaca caccocaaat tgggggtggt900
 cccgggggaa tggt 914

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 685 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

gaaaatccag ggggtgaagaa tagatctgtg gtggcagggg tgggaaaggc ggggaggatt 60
 tgccctactga ggggcagcac aagagaattt tgcggggcga tggatctgtc tgtatcttga120
 50 ccatagtgat gatacatgac tgtgcatttg tcagaactca caggactgaa tgaaaagaga180
 agtgaatttt actgcatgtg aattgttaaa ataaatgcta gacagtattt taaaaatcaa240
 gccagatcc tgcaagacat tatggctccc caccagaagg ggagagacgg ggaaagagaa300
 gtgtccccc aaagtaaccca cgttccctgg gaccacctc cctccccact gccacttccc360
 accagcctca cgcacgggcc aggcccttcc ctttgcagct cacagcccag cagatgttag420
 55 gtcagaatgc gtcccctcac ttgactaaag gtttacagcc agcagggtgg gaaatgaacc480

agatattaac acccctcct ccattgccctg ccacacctt gggccagtag cagtgaaggc540
aggaagccac ttctcccacc ccaggctgt tcccaaagcc ctggaagaac ccaaggaaag600
gcaggagcca agttgggagt tgaccttgat gaccaggggc cagttggccc agtttccctt660
gtttagttgg ggggagggaa ccctt 685

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 2646 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

30 ttaatttaaat agctttcatg tgattaaaaa tagctaacta gactcaagga ttcacaatat 60
ttaggtgtat tttcaatacc tccagaaagg aaacctcagt taatcagagg aaatagtttc 120
agtcttcatt tgagcatgtc tttccatctc aaaaaaatac tcttagtagg ttggagtga 180
gatagcaagg ttttgaagca tatttgtcct aatccacagt gacacttttt atcttccagg 240
agcactccta ggaggttccg tgccaatca atgttgactg ctttgcagat ctcaaggga 300
35 taaaatgaca aaagcagga agttacaga ttcaaacagc attttaactc atgttgatct 360
ggataattaa tcttttctaa agatgtgtag tttcttgaa aacagtgata tcacatgatt 420
aaaattacat ttttatcaac ataattgtct ggaaaagata agccctcaa ttttctacca 480
gttgactttt attcattaga tacagaaggt gcagtattac acatcaccag ctgcctttgt 540
gaatggctca ctacacagcc attgggtgac aactgtgtgc atgggcagaa acagcaagt 600
40 cctcattgt ggctattggg tggggagtgc cttttgtcaa ggagtctgca ggaattggct 660
tatttctgta tgccaaagt atcaacacac caaagtctct gccataaaga atgtggcttc 720
cttgcatcct ccactctgtt actctgggcc cagtaatttg atgtaactgt ctgattgtac 780
tagagacagg agtataacca gcttattcat aatcaagtaa agagactcag attagatttg 840
attttttagc ctctcttaga gccaatcagg cagttaagag taataaagga aaagggttg 900
45 gtcacaaacc ctaccattat ctggagatta ctctctgctg cactcctgtc ttgccatgca 960
cgtcttgccc cctcactttt gctcagccta gcagtctact tcactttatt gccttgtaag 1020
tgtcaggcct cctgggcgct ctggaaaaga caggagcca ggccctctca cccctactgg 1080
taacaggctca ttgctgggtg cacaagaggg aggtgatttg catcatggct atgctgcatg 1140
ggcttcactg ggatgctgtt aaacaccaga ggagccaacc tatcagaatc ccagcagca 1200
50 aggaaaactc agatttttaga ggctttttat aataaagtag cgtaactcta ggtcatgatt 1260
gatttcaaat gcctgccatg aatgatttgt aagtaattat gtaggatcca tcaaagcagt 1320
attgtaggct tttgaattgt cccagtggat ccgggacccc atttcaactgt ctctcttgat 1380
cgtgttaagt atgcaatcag agttcaagac aggcccatg aagtctgact gcactgggat 1440
ggagaaatga atttcttccc actgaaggaa actctttctc attcgcagcc aagacgggag 1500
55 tgccactgtt cctctcttca ctctctgagat actgcttctg gaagcgggtg tcacttctct 1560
tctagtacct cttctcttct ctgaagtgtg tgactatctc ctagtgttta aatttggcag 1620
ttactcgcca tgtatgtcag catagaaaag gaaatgtttt taccttatct cctgtatgta 1680

tgatagaact taaaagaaat gtgcatttgt tttcatagcc ccagcagaga aaatcctctt1740
catagattaa atgtgtctgt gtggacagga gggaaaaaaa aaccctctac atattgaaag1800
gcaccaaatg taatatctga cactgttaag atgcccaaaa gagcaaagt gttagtgaga1860
5 tgcagggtca tttcccatg ccatccacag tgtttgttag tgagtccacg gctgacttgc1920
agtataaag aaaagcatgg agctgtgtct gcagacaatg gtggctgcat ctgtaagtgg1980
cttcagaggc agcagccctg gggaaattga tgggtgtggc agtggacctg tgaagaggga2040
gaatctagcc ttcagcctgt ccagtgttaa ccactagaga aactgagctt tataccttt2100
tttaaatgct gtgaatttta gcatattgaa acattagagc aaatactcag gggatttttc2160
attaaacatc cctcagataa tttagctata tatcattaga aagggaagc tatcattttt2220
10 attttaaaac taaacaaggc catcttataa actgtcacca aagtcttccc ttttttattg2280
catgtgtgcc ttgaatttca taaaacatta attcacaatg ggggtcagaa tgtactcttg2340
ttgaaacact tctgtacca ttttatgttc atattatgtt tgagagggtg aaaatgtatg2400
agcagcttaa ctgaagtaga actattcatg atgcttttca cacattgtgg cataagatgt2460
aaagtttgta attaatgtta atttctgtgc attttaatat tcttttataa ttattaatgt2520
15 taatttctgt gcattttaat attcttttat aattatgagc attttaataa attcattttt2580
acaaacaata aaaaaaaaaa aaaaaaagga ggaagggaaa aggaagaagg aggggggaag2640
aggaag 2646

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 2667 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

ttatcttgga agtctgtgta tcaaaatgaa gaattcagat ggtaggaggt tctatagtcc 60
45 ttttaaagct gactcttgag tgctcagttga atatccatta aattggattt ggaaataacc 120
tgaggaaagt attatgaatt cgatctgcac agatgcctct tagctgatag gtggcaggcc 180
tgtgggtttg ggttctccct cttttctctg gaacatatga caattccaga ttaaagaaaa 240
atgtttttta ataaataccc ttggctcttc ttctagtcac ctttgaggta gatattgtga 300
ttttctggag tatagtatat ccgtgtctct gtgtcttagg ttactagat gcaataatac 360
50 ttctctttga catttgtact gaagtgattt gatattaagt aaaacagtta atgtttgaat 420
ataggcatat ttataggttt ttccgctcc cccccaacc acccttttta aaaaatctat 480
acaaagccct tgtttgagtc tcatcatgca catcaaatca tggagttagg tcttctctga 540
gctcagggga acacaagtgc acagagagag atgtcttgag ggctcactacc aaagaattac 600
cctcattgtc cctcactcag gccatgtgta catgcgatgc tgctgagtgt gctgggtgg 660
55 gtgggtggca cgtggctccc ccagagcact tcctaactgg caagctggga gaccattac 720
tggtgaactt tgtggaaatt agaactgtat cttttacata atcttggcat attacatttc 780
ataataaaaa catacattta gttgcatgct acatcactat tgattttata attaatcttct 840

```

5   taagcttcaa ccatgtttta taccttattt cgttacatca tatatttgta atgtgtaata 900
    tgaaatcttt tgctttaatg tcttttttta aaatgtagaa tgttctaaac ttgaaaggca 960
    attgaatgta gtatgatgaa aatgtgaatg ttttgctgct ttcataacca aagatacagg1020
    gctagtggac atttagaata ataattaaag cttagagtctt gtatgtcttt tctttgaaagg1080
10  agttctaacc ttgtaaattg agaatgactt cagagaattt tgattaagaa aacattaaaa1140
    tcttaaccgg cacaaacact ccaatttttt tcaactgtgaa gccgcaagca attttttttc1200
    tttttctttc aaaagcctgc cttctgaatt tatttcttgt ttactcattt cagagaggg1260
    agtaaagaag atctatttct ggtagtcata tcgcttgaaa ggtattggta aatgtgtttt1320
    cagtcgtgac catgtggaaa gtgaacagtg ttggcaaaca ttaccgagaa aatcatgctt1380
15  ttcaagatgc ccttgctttg ggatatcctt cctagggaga aaaaaaaaaa gtagttaa1440
    aattgtgaat tccatttctt atttcagttt ctgctgcagt aatgggttcc caccactat1500
    aattcccagc atttatgttc tgttgatttc tcccttagc ccagtaacat ttttatcta1560
    taccaccattc cccaagtttt gagacagatt gacccctac tcattatgtg gctctagt1620
    aattttaaaa tgtggaatat tgggcttgca ggcagtagga gctgcaa1680
20  ggagtgtgga gttaatgggt agtatgttaa taaagggaaa ctgtctctga cagaatctca1740
    gtaatgttta ccaaaacatg tctttctaca gctggtagga taaatgatgc taccctgtag1800
    ctacagctaca ggctgcagtg caaacttttc ttccatccag agaaagcaga attccctc1860
    agtaacctca ttacaaatac tgttactaga agggcatgtg ctgtctgtca cttcagtaa1920
    tatttgtgac atctcttgat gactgatgac ctggatcgag tatttctatg aagggtctt1980
25  ttagggccct tacatacgca agaggggtgc tctagtgcc tagctgtagt tcacaggaag2040
    gacaccagga gaagtatac ctagggctac tgagcagctc atcatccctg tttctgcaca2100
    gtttcctgaa actggccatc agggcctctg aggcactcaa atcagtttac ttttagcatg2160
    ccccatcag ggtgggtctc actgttagtg aggatacggg tctggtttga tgttttcta2220
    ggcaaaatgc ttaagtgttc tggttatgcc attcattcat acgatgtgtg aaatttgctt2280
30  aaaagggaat tttcatgatt tgatttagat tagtatttaa atatctgctt tagatagcaa2340
    ttaattttat tgtaaaaaata aggaaaaata tgtgaatatg tgaatttttt aagcctgaga2400
    gatgatagaa tgttcccata ttttcttgt aaagaaaaata atattttaac ttacacatcc2460
    tgtagaaaat accacctttt ccccttgat tacagtacaa tgtttacatt actatactgt2520
    caagctgaaa gtataaaaaa tgtacatata cattttgagt tatgtatcct ttttttaaaa2580
    aaaggtgcgg ggctgtggca ctgggctgga catgactaaa gttgacagag gctatgctag2640
    atttataatc actagtcttg ggacttg 2667

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 544 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

catctgtgca tggatgagt ggcgactttg gagcccaggc tgttacttcc tggctctggtg 60
gtgaatcctc catagtctga gagtaagatc cttgatactg gctcagcatg gaacatctggg120
cacacagtat gcaactgagga aatacttgtt ggaataatca gtgaatcata gatgaaaact180
taaccttggga attaattatg agactgctca gaggaagaga atgggagaca aaggacctgg240
5 tgattagacc cccaagacac tgggctgtct gcttgtgtct cgggtggaac aggcccagcg300
agagtcttta gggccagaac tcaaggaatt tattgagcca tggcaaacag gcagtaaaca360
gccattctg gctgctgtat tgagaagaga atgtggtgga cagatataga agcatggaaa420
cctgataggg ctattgcaat cactcagaaa agaggcgatg gcagcttgga cctgttgaa480
cagtagagt ctttcaggg aggagaaagg acctgaagg taatttgatc accatggggcc540
10 atga 544

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

gtttgatact ttctgcact taggtttgtc ctattcttca tttattcaga ctaggataga 60
aaatttttggga atcagaaaaat agatccagtg tttagctaca tacaatctag tacaagtga 120
tttttattct taaacatagg tgtgttggct ctttttttaa aagatgcgct ctacctgaaa 180
40 aggaaattgg attttagaac tggatgtggt gcagtgaagt attttaggcc caggctctgtg 240
tacacatttt atagaagaaa tgaagtactc tgaagtattt tggttgcctt ttcatttcaa 300
ctgtgttttg aatttgtcag atcacacata tattgtgta ttgggcgctg tggatatctt 360
tataaaacct ctgtctgtg tgcaaaagt cctaaaagga aacacaagta atgcctatcc 420
attactagca tgctatgct catgctttac tgccattgct gtatgcttta ctgtctttgt 480
45 aaaaatcccc ctctcccctt ttctggtaac tggaaaagca tgctaaaaat agtcttatat 540
tttcacccca taagtgcaga atcagtaatt ccttggtta aagctcttat ataataca 600
ttattggtgg taaataccaa gtttggatc tcatagctat ctttttttaa agaaattaag 660
ttcttgaana tttagccaaa tcccgtttta tgggaatgct ctttagaatt cttttgttc 720
agcccctttg ttctatggt gagaaatctg aggccttacg aagggttaaga gaactttccc 780
50 cgtgtctcac aggtaggtag aggcagagct ggaactagat atctggtctg ttgactctag 840
ctcagtgtct tctggttaact gttgaaaatt gtcttagtt gagagatggc tgaaataatg 900
aacataaaat gctatttata ataacaagta tatgtgaaat ttcttattgt aagactacta 960
ccggcttact gttgaatagt ttggttatag tgtttaggct agaaatgcct cccacattgg1020
taataaacat tacaaaaaac aatgtatttt taggtaggca ttttataaaa tgcattatgc1080
55 catggttgct tttgagatag attgtagtct gggtagcatc tttaaaatgt atgtgggctt1140
aactgttggt catatcagga gatgctctga ttgtataggt gagactctgt ttctgttatt1200
tttaattgct gtatgaaatg tgatcagatt attttactac caacagttat agtttgaaag1260

tccaactgta ttaattgact gataaatga taatatagag attaaattgt ttgtcttcat1320
tccttaaaaa aaaaaaaaaa 1340

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 2376 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

30 ggatatgaat aaattgttaa tataaagtc tacagaaatt aatttatgaa atttctctaa 60
atcacacaaa acttaaatat agatgactac taccctgaga ctgaaaaata tgttctaatt 120
tatagtgcta tttttgggca gttttggtgt cagaatacct atcaacacat tcttttttta 180
ttaggaaaaa aaggatgtct acataacaat ttgtaaagt ataaaatcca ttagttttta 240
agtcttctga tagcattggc tattataaga aacaagtatt tgctctcgtt ttaacggga 300
taataatgct atgtctacat aaaatgattt ctaccacctt aaatagctca ctgtagaaat 360
35 tcatgtataa atggaacat atagtacata catatcatat tcttaggtct ggcaaatatt 420
tgaggttcat ccattttta tattcactca tcagtagttg taaacacatt cttaaagtag 480
cattttcaga tatgaataag cagggatgaa ataagtatta gggtaaggga aatgggtgag 540
gctttcctaa gtgaagtgt aaaaccacag ctttcttttt aatgggatgt ctaatatgca 600
tttatctgtt caagcatttt aagattttcca tgaaaatgtc ctgaaaaatc aagattcttc 660
40 attgaggggtg aggatctccc aatgggagac tgctctgaaa agagcatgtg ctttttgaat 720
tagataacct actataatca tggatgttct tgaatactta gcaaacatac cagcatccca 780
aagtcaccaa gataaacctt cctactccaa catcacatga tcttctaatt ctacctgtaa 840
aaataagcat aacaattaat tagaatataa ttacgttata tacattactc cacctagaaa 900
aaaaaatagt tcattatgta gagaaatgct ttttttagta catagagaaa taaaaaatat 960
45 agatactcac tagtgaacaa aaaatgtcca aagccagcca caacagatcc taatgaacca1020
tacaatattg aatgccgggc gcaggagta ttttcaacat ctaaaaatcc taggagctta1080
agggactaga atgaaaaaaa agaacctaga ttgagtaaga aagtatttca ttttggggtg1140
ctttggcaaa aatgacaata caccatttct tttctttagt ttgaggggtt aaactagagt1200
atgtgccacg tgacaaccta aatcagcttg cggtgtcttt gtccaccttt ggtatgcagt1260
50 ctgaatcttt aaatccgaaa acctacaaa ttggaccgga aaacctttaa gcagtagggt1320
aactgggagc tgtatcttaa tttgctaact aactgacttg gaaataggat aattcatttt1380
atgagctctt taaatgagtt tatttgggaa tatgcctatc attggaattg aaagcagcat1440
agcttgcttc agtaactcca ataatttggg aagcagaaat ggaaaaagta atttgagtca1500
tgtttgctta tgtagtgccg ttttaaatcc ccctagtaat tacctttcat attttattaa1560
55 ctaggttaac atcaactgtg gttgtaagag taaatgtttc accttaagat aaacatgggc1620
aatatatata actctagtct gttttcttgc ctgtgaagtg aggctgcact tgattatatt1680
tgattctttg ttcgtaatac atgggaacga cagctaagtg tggtgaaaaa cgcggggatc1740

```

caaagagctg gattttttatc tcagatctgc cgctaacttt tgtatcctat aggctacttt1800
tatttctatg gtctcaatct ataacatgaa tgggttggtg taaatgactg aagttccttc1860
aagtgcataa attccttttc tacagtcttc attggattta tgtatttctt attcctaata1920
tgtttaactg ggatgtctgt cactctaggg cggcaagaca gacattttaa agtaacagtc1980
5 acactgctga actggcattt ctgttaacac aaaagtttag aaaactcacg gtaactgtta2040
cttgatttaa gtgtatataa aattttcagt aaggctgctt ttaaaaggaa ccactgtcca2100
tttaaagggt tcatagttat cttcaatggg ttagtattgt ttggggcagg acattaaact2160
agaagggtt ctataggatg aggtgatacc tagaaggtaa tatattgtaa ggcaaaagag2220
attagaagaa atggggggaa aggatagtaa aaggcaagtc agattaaagg gttgaaacat2280
10 gaagatatcc ccattgtatt ccggcccat gtttgccctt tttggctcca gcatcgtgtt2340
tggaagaggc caatgtgcc tgggtcccta ataaag 2376

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 225 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:121

```

cagttgtgaa gttttgtaaa atggtcaccc aacttaaaac taggaaatta cgaagaagag 60
aaaattgccc ggtatctgtt aaggctctgcc ttagatctgt ctgtagggtt tgtcaccatt120
40 ggaagcaagg tcctacttca gtggcagatc ttgtggcctt tgagtggctg aagaccacca180
ccctgcacag ggctggggcc atgcacaggc atccttccct acctt 225

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1967 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

```
acggggcggcg cccgcgctcg caggccaactc tctgctgctg cccgtcccgc gcgctcctcc 60
15 gaccgcgtcc gctccgctcc gctcggcccc gcgcgcggcg tcaacatgat ccgctgcggc 120
ctggcctgcg agcgcgtccg ctggatcctg cccctgctcc tactcagcgc catcgcttc 180
gacatcatcg cgctggccgg ccgcggctgg ttgcagtcta gcgaccacgg ccagacgtcc 240
tcgctgtggt ggaaatgctc ccaagagggc ggcggcagcg ggtcctacga ggagggtgt 300
cagagcctca tggagtacgc gtggggtaga gcagcggtg ccatgctctt ctgtggcttc 360
20 atcatcctgg tgatctgttt catcctctcc ttcttcgcc tctgtggacc ccagatgctt 420
gtcttcctga gagtattgg aggtctcctt gccttggtg ctgtgtcca gatcatctcc 480
ctggtaattt accccgtgaa gtacaccag accttcaccc ttcatgccaa ccgtgctgtc 540
acttacatct ataactgggc ctacggcttt ggggtggcag ccacgattat cctgatcggc 600
tgtgccttct tcttctgctg cctcccaac tacgaagatg accttctggg caatgccaa 660
25 cccagggtact tctacacatc tgcctaactt gggaatgaat gtgggagaaa atcgctgctg 720
ctgagatgga ctccagaaga agaaactgtt tctccaggcg actttgaacc catttttttg 780
cagtgttcat attattaaac tagtcaaaaa tgctaaaaa atttgggaga aaatattttt 840
taagtagtgt tatagtttca tgtttatctt ttattatggt ttgtgaagtt gtgtcttttc 900
actaattacc tatactatgc caatatttcc ttatatctat ccataacatt tatactacat 960
30 ttgtaagaga atatgcacgt gaaacttaac actttataag gtaaaaatga ggtttccaag1020
atttaataat ctgatcaagt tcttgttatt tccaaataga atggactcgg tctgttaagg1080
gctaaggaga agaggaagat aagggtaaaa gttgttaatg accaaacatt ctaaaagaaa1140
tgcaaaaaaa aagtttattt tcaagccttc gaactattta aggaaagcaa aatcattttcc1200
taaatagcata tcatttgtga gaatttctca ttaatatcct gaatcattca ttttagctaa1260
35 ggcttcatgt tgactcgata tgtcatctag gaaagtacta tttcatggtc caaacctgtt1320
gccatagttg gtaaggcttt cctttaagtg tgaaatattt agatgaaatt ttctctttta1380
aagttcttta taggggttagg gtgtgggaaa atgctatatt aataaatctg tagtgttttg1440
tgtttatatg ttcagaacca gagtagactg gattgaaaga tggactgggt ctaatttatc1500
atgactgata gatctggtta agttgtgtag taaagcatta ggagggtcat tcttgtcaca1560
40 aaagtgccac taaaacagcc tcaggagaat aaatgacttg cttttctaaa tctcagggtt1620
atctgggctc tatcatatag acaggcttct gatagtttgc aactgtaagc agaaacctac1680
atatagttaa aatcctggtc tttcttggtt aacagatttt aaatgtctga tataaaacat1740
gccacaggag aattcgggga tttgagtttc tctgaatagc atatatatga tgcacggat1800
aggtcattat gattttttac catttcgact tacataatga aaaccaattc attttaaata1860
45 tcagattatt attttgtaag ttgtggaaaa agctaattgt agttttcatt atgaagtttt1920
ccaataaac caggtattct aaacttgaaa aaaaaaaaag tcgacgc 1967
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 612 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

15

```
cctagctgtc cccctgagat gaagaaagag ctccctgttg acagctgcct gccccgctca 60
ctcgagcttc accctcagaa gatggatccc aagagacagc acattcagct cctgagcagc120
ctgactgagt gcctgacggt ggacccccctc agtgccagcg tctggaggca gctgtaccct180
aagcacctgt cacagtccag ccttctgctg gagcacttgc tcagctcctg ggagcagatt240
20 cccaagaagg tacagaagtc tttgcaagaa accattcagt ccctcaagct taccaaccag300
gagctgctga ggaagggtag cagtaacaac caggatgtcg tcacctgtga catggcctgc360
aagggcctgt tgcagcaggt tcagggtcct cggctgccct ggacgcggct cctcctgttg420
ctgctgggtct tcgctgtagg cttcctgtgc catgacctcc ggtcacacag ctccctccag480
gcctccctta ctggccggtt gcttcgatca tctggttct tacctgctag ccaacaagc9540
25 tgttccaagt ttactcctac agtctgcaag gttacaggtt gggtggggga gaaatgccgt600
tttggggttc ca 612
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1183 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```
tttcggcaca gcatgaatgg ctgcgagaag gacagctcgt ccacagattc tgctaacgaa 60
aaaccagccc ttatccctcg tgagaaaaag atctcgatac ttgaggaacc ttcaaaggca 120
```

```

cttcgtgggg tcacaggccc aaatatgtag aaatcagtga aggatttgca acgctgcacc 180
gtttctctaa ctagatatcg cgtcatgatt aaggaagaag tggatagttc cgtgaagaag 240
atcaaagctg cctttgtgta attacacaac tgcattcattg acaaagaagt ttcattaatg 300
gcagaaatgg ataaagttaa agaagaagcc atggaaatcc tgactgctcg tcagaagaaa 360
5 gcagaagaac taaagagact cactgacctt gccagtcaga tggcagagat gcagctggcc 420
gaactcaggg cagaaattaa gcactttgtc agcgagcgta aatatgacga ggagctcggg 480
aaagctgccc ggttttcctg tgacatcgaa cagctgaagg cccaaatcat gctctgcgga 540
gaaattacac atccaaagaa caactattcc tcaagaactc cctgcagtc cctgctgcct 600
ctgtgtaatg cgcacgcagc aacctctggg aaacagagta acttttcccg aaaatcatcc 660
10 actcacaata agccctctga aggcaaagcg gcaaacccca aaatgggtgag cagtctcccc 720
agcaccgcgc acccctctca ccagaccatg ccggccaaca agcagaatgg atcttctaac 780
caaagacgga gatttaatcc acagtatcat aacaacaggc taaatgggccc tgccaagtcg 840
cagggcagtg ggaatgaagc cgagccactg ggaaagggca acagccgcca cgaacacaga 900
agacagccgc acaacggctt ccggcccaaa acaaaaggcg gtgcaaaaaa tcaagaggct 960
15 tccttgggga tgaagacccc cgaggccccg gccattctg aaaagccccg gcgaaggcag 1020
gcacgtgca ggacacctcg ggagggccag gggcctttcc ggggttagtt ttcggttagg 1080
ggttttcaca gttgcatttt tttgccccca cggaggatta ggaagttttt ccacagatgg 1140
caggcatttt ttttgagttc cccggttttt gacgttttgg ttg 1183

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 891 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

```

cggaggcagc ggaaagccga gccaggcgcc tgccgcgtgg gaagagtagg ttcagagtgc 60
45 attccggaac ccggggcgcg gcgcactgcg caggcgccg gactccgctc agtttccggt 120
gcggcgaaaca ccaaagtcgg ggaacttaag cattttcggg ttctagggtt gttacgaagc 180
tgccaggagcg agatggagggt ggacgcaccg ggtgttgatg gtcgagatgg tctccgggag 240
cggcgaggct ttagcgagggt agggaggcag aacttcgatg tgaggcctca gtctggggca 300
aatgggcttc ccaaacactc ctactggttg gacctctggc ttttcatcct tttcgatgtg 360
50 gtgggtgtttc tctttgtgta ttttttgcca tgacttggtc gctgatatct aaattaagaa 420
gttggttctt gagtgaattc tgaatatggc tacaaacttc ttgaataaag aagacaggac 480
tctcaataga agaatttcac atctccaagg gaccttccct ttcattttac actttgttac 540
taatttgcag aactctatta attggtagg attcaccga ttcctagcta agttcttaaa 600
attaaaccct ttggttcgtg tttaaaaact ttcaaacatc tgatggcttt acaggggctg 660
55 aatataaaag catttgtact taaaggctct gtgtattcat taagaaatat agtaatgtct 720
tttaatgttt taagagttga tcagggtttt actatggatt gcaagtaata gggatgatta 780
ataaggggaa ggtttttatg gaatttcaaa agtcaattta tttcaaaaagc gggggaaagg 840

```


gttttgagag gaggggggcc caaggtgttc ctggggttg ccgaggagg c

891

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 482 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

tctctaaata gtaccttttc agtcttgccc cagaagttcc ctcaatttca gcagcaccga 60
gcggtttata attcattcag ttttccaggc caggcagccc gctatccttg gatggccttt120
ccacgcaata gcatcatgca cttgaaccac acagcaaacc ccacctcaaa tagtaatttc180
30 ttggacttga atctcccgcc acagcacaac acaggtctgg gagggatccc tgtagcaggg240
gaagaagagg tgaaggtttc gaccatgcca ctgtcaacct cttcccatto attacaacaa300
ggacagcagc ctacaagtct ccacactact gtggcctgac aacagaactg agaggagagg360
attagactct ggggtgcttg catgggcaac tggatttttg catgattcct ttatgatttt420
gcttttaatg tatacaccca gaagagccaa tataaacgtt cctcatgcct aaaaaaaaaa480
35 aa 482

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 610 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

ctcgagccgt gggcagtggt cgcaaatgct cggagacact gaccttcagc gcctcgggtc 60
cagcgccatg ggcgcctcca ggaagttctt cgttggggga aactggaaga tgaacggggtc 120
10 gaagcagagt ctgggggagc tcatcggtac tctgaacgct gcccaagggtc cggccgacac 180
cgaggtggtt tgtgctcccc ctactgccta tatcgacttc gcccggcaga agctagatcc 240
caagattgct gtggctgctc agaactgcta caaagtgact aatggggctt ttactgggga 300
gatcagccct ggcattgatc aagactgctg agccacgtgg gtggtcctgg ggcactcaga 360
gagaaggcat gtctttgggg agtcagatga gctgattggg cagaaagtgg cccatgctct 420
15 ggcagaggga ctcgagtaa tcgcctgcat tggggagaag cttagatgaa agggaagctg 480
gcatcactga gaaggttgtt ttcgagcaga cagagggtca tcgcagataa cgtgaaggac 540
tgtggcaagg tcgtcctggc ctatgagcct tttttgggc catttggtgc ctggcaaggc 600
cttcaaacag 610

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2072 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

gggtcatgta ggtacaacag caaccaagaa gatcgatgtc tacctgccct ctgcactcga 60
gccaggacag actgctgcca atgaccgtgg tgacaatggc cagcgccagg gtgcaggacc 120
tgatcgggct catctgctgg cagtatacaa gcgaaggacg ggagccgaag ctcaatgaca 180
atgtcagtgc ctactgcctg catattgctg aggatgatgg ggaggtggac accgatttcc 240
ccccgctgga ttccaatgag cccattcata agtttggtt cagtactttg gccctgtgtt 300
50 gaaaagtact catctcctgg tctgacatcc aaagagtcac tctttgttcg aataaatgct 360
gctcatggat tctcccttat tcaggtggac aacacaaagg ttaccatgaa ggaaatctta 420
ctgaaggcag tgaagcgaag aaaaggatcc cagaaagttt caggccctca gtaccgcctg 480
gagaagcaga gcgagcccaa tgctgccgtt gacctggaca gcactttgga gagccagagc 540
gcatgggagt tctgcctggc ccgcgagaac agttcaaggc cagacggggt ttttgaggag 600
55 gattcgcaaa ttgacatagc cacagtacag gatattgctta gcagccacca ttacaagtca 660

```

5  ttcaaagtca gcatgatcca cagactgcga ttcacaaccg acgtacagct aggtatctct 720
   ggagacaaaag tagagataga ccctgttacg aatcagaaaag ccagcactaa gttttggatt 780
   aagcagaaaac ccatctcaat cgattccgac ctgctctgtg cctgtgacct tgctgaagag 840
   aaaagcccca gtcacgcaat atttaaactc acgtatctaa gcaatcacga ctataaacac 900
   ctctactttg aatcggacgc tgctaccgtc aatgaaattg tgctcaaggt taactacatc 960
   ctggaatcgc gagctagcac tgcccgggct gactactttg ctcaaaaaca aagaaaactg1020
   aacagacgta cgagcttcag cttccagaag gagaagaaat ccgggcagca gtgacactgg1080
   cctccagcct caatctgttc cgtagctcag agcctgcctg ccagggccaa gtgccctaga1140
   gccaccggg tgctcgaag tccctggggg gagggcagcc cctggctcac tggcacagg1200
10  cagggtgggct ctcggggaag gtgtcggggg cccctagga gggagcgctg gggacattgc1260
   catgggacgg aagtctgctt ggcagtggct ttgataagcg atgcttgggg gtcagaccac1320
   cccctagagg agccacgtgc cggccagcca ccttcaatgc ctgccaccct gcccgaggat1380
   gtacagaqcc gtgcccacac atttccttgc aacttgatca aatttcttaa agcaaacaac1440
   aaaaatgtac atttctgttt ttccttttaa taaacagggt tactctttat catggttgg1500
15  atgatggacc attctttggg gcgaggatt gattatgtta ctctctttaa aatctgttcc1560
   catattgaac aggcagattg gaaaagctat ggttcgattt ctcaagaagaa atgtttagg1620
   cttagtcaat agttttaact atgccatttg tttaaatgag tgcatttgct tcgagggtag1680
   tgtcttacta aaagttagga acagagacct agtgggtgtg ccaaggccgt gtcactttcc1740
   ccttcagcac accccagctt ctgacctcag agcccaggag ctgctgggac agtgtgggg1800
20  gccaggagga ggggcggtgg ctggtcctca ggcacgctgc actcccagcc agacatgg1860
   tttccgtttc ttaagtagca agttaggtt tcagctggca gttccacctg catgttctct1920
   gcttcgctgc cttggaaggg gccacattcc ccattcctct tctccttaca gcgcctgct1980
   cctttttaag caggcgaaa gctgctgttt ctcacgtttc agggagaggg gtgaccagga2040
   gactgtgtcg tgcgtcggtc ctgggtggac ag                                     2072
25

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 980 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129
- 50 tttatggagt tagagcaggg gaacttaaaa acaaaagtgt atttaataac ttcattgagac 60
 tgtgataacc agtttatatt tgaaatatat acagcacttt gggagactga gggttgacct120
 tgatagtcct ttgcacagtg atcttcagat cttaaaagaa aaagaaggca tagaatatat180
 tttgtttaac ttctctttta aggataactt tccatttgat cctccatttg ttcgagtgg240
 gttacctgtt ctctcaggag ggtatgtatt gggaggagga gcattatgta tggaacttct300
 cacaaaacag ggctggagca gtgcctactc aatagaatcg gtcacatgc aaataaatgc360
 cacccttagtc aaaggcaaaag ccagagtgcga gtttgaggca aataagaatc aatataatct420
 55

agcaagagcc caacaatcct ataattccat tgtacagata catgagaaaa atggctggta480
caccctcca aaggaagatg gctaaatatg ttgactgttg tatgtttgga ctaatgttgc540
tttaaagaaa atctttccaa catgcagaca aaagctttga gtgcccctat tacagcagta600
ccgaagatgt tagttaatag atatttttagt ggataatctg tcatctgaca tccagtataa660
5 gttacagcct tcgcattttg ctcatcttag atatcttgga ctgagcagtg gggcctttac720
tgtatttttc ctgataaata cacatactgg ccactcctta tctcttttc ttgaaaagt780
aactttttaa aggcagccaa gtcaacatca gggctactga agttggaggg ctttaggggt840
aactttccta tattgagccc atggggttac aagggtttgg caatatattg ttccctttta900
cagccaatac aggttttaat cggatgtttc aatattgggt ttaggggatt ttaaggggccc960
10 tcttaagtca taatagcct 980

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 792 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

ctgtttggca gggcgggcg cctcggaag atgggtggcg gcgcggcgtg tggtcccggt 60
cgtctggcca agtctcagcg cagcaaccg gccggcgtct cgttggcctg gagccacac120
ccaccgggtc cctgaccccg cgcccccg gcgcgggtcc cggcatgcct cgcgcccgta180
40 agggaaacac gctccggaag ggtggtcagc gccgtggagg aggtgcccg agcagtgcc240
aagctgactc gggttccagt gacgatgagg cagccagtga ggccgcagc accgccagt300
aatgccccag ccttctcagc accactgcag aggacagcct tgggggggat gtcgtggatg360
agcaagggcc agcaggaaga ccttgaggaa aagctgaagg agtatgtgga ctgtctcaca420
gacaagagtg ccaagaccg gcaggtgcct cttgagagcc tgcgcctggc cctagcgtcc480
45 cgctactcc ccgacttctt gctggagcgc cgctcagc tagccgatgc cctggaaaag540
tgctcaaga aagggaagg cgaggaacaa gccctggctg ctgctgtgct aggcctgctc600
tgctgagcgc tggccctgg acctaagggt gaggagctgt ttcacagcct gcagcctctg660
ctggtctctg tgctcagtga cagcacagct agccctgctg cccggctcca cgtgagttgc720
ctgtgccccca tgaaccctt cctgcaactt atccctcagc agagtgggtg gttcccccta780
50 tcttcagcct cc 792

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1092 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

20

```

gtgggtcccc cgggttcgag cgcggttgag gccttcggtg gtgaacgagt ctccagcacc 60
atgtctggtt tgtctggccc accagcccgg cgcggccctt ttccgttagc gttgctgctt 120
ttgttcctgc tcggccccag attggctcct gccatctcct tccatctgcc cattaactct 180
cgcaagtgcc tccgtgagga gattcacaag gacctgctag tgactggcgc gtacgagatc 240
25 tccgaccagt ctggggggcg tggcggcctg cgcagcacct caagatcaca gattctgctg 300
gccatattct ctactccaaa gaggatgcaa ccaaggggaa atttgccctt accactgaag 360
attatgacat gtttgaagtg tgttttgaga gcaagggaac agggcggata cctgaccaac 420
tcgtgatcct agacatgaag catggagtgg aggcgaaaaa ttacgaagag attgcaaaag 480
ttgagaagct caaacatta gaggtagagc tgcgacgcct agaagacctt tcagaatcta 540
30 ttgttaatga ttttgcttac atgaagaaga gagaagagga gatgctgat accaacgagt 600
caacaaacac tcgggtccta tacttcagca tcttttcaat gttctgtctc attggactag 660
ctacctggca ggtcttctac ctgcgacgct tcttcaaggc caagaaattg attgagtaat 720
gaatgaggca tattctcctc ccaccttgta cctcagccag cagaacatcg ctgggacgtg 780
cctggcctaa ggcacacctac caacagcacc atcaaggcac gttggagcct tcttgccaga 840
35 actgatctct tttggtgtgg gaggacatgg ggtaccacct acacccaaca agtcaatgag 900
ggacttcttt ttaatttggt aggatcttga ctggttttgc aacaataggt ctattattag 960
agtcacctat gacaaaaaat aggggggttac ctagataatg ccaaagtcag catttgcccc 1020
gggtcccttt gtgggagctg tgggacgatg ttttcttttc tgcccccttt ccggagcgtg 1080
gggggccaaa ta 1092

```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1523 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

10
ctcatgtcta aagaaattcc tttttgtgtg aaaaagacta agagcatctt caacagtgcc 60
atgcaagaga tggaggttta cgtggagaac atccgcagaa gtttgggggt tttaattact 120
ctccatttag gacaccctac acacccaaca gccagtatca aatgctgctc gatccccacca 180
accccagcgc cggcactgcc aagatagaca agcaggagaa ggtcaagctc aactttgaca 240
15 tgacggcatc ccccaagatc ctgatgagca agcctgtgct gagtgggggc acaggccgcc 300
ggatttcctt gtcggatatg ccgcgtctcc ccatgagcac aaactcttct gtgcacacgg 360
gctccgacgt ggagcaggat gctgagaaga aggccacgtc gagccacttc agtgcgagcg 420
aggagtccat ggacttccag ggataagagc acagcttcac cagccatcca ccaagacggg 480
acaagcaggg agtttatccg gcagcccaaa gcccttctct cctcaactgt cagctcctat 540
20 cacgacgaaa acggacaaaa cctccaccac cggcagcatc ctgaatctta acctggatcg 600
aagcaaagct gagatggatt tgaaggagct gagcgagtcg gtccagcaac agtccacccc 660
tgttcctctc atctctccca agcgcagat tcgtagcagg ttccagctga atcttgacaa 720
gaccatagag agttgcaaa cacaattagg cataaatgaa atctcggaag atgtctatac 780
ggccgtagag cacagcgatt cggaggattc tgagaagtca gatagtagcg atagttagta 840
25 tatcagtgat gatgagcaga agtctaagaa cgagccagaa gacacagagg acaaagaagg 900
ttgtcagatg gacaaagagc catctgctgt taaaaaaaag cccaagccta caaaccagg 960
ggagattaaa gaggagctga aaagcacgtc accagccagc gagaaggcag accctggagc 1020
agtcaaggac aaggccagcc ctgagcctga gaaggacttt tccgaaaagg caaaccttcc 1080
acctcacccc ataaaggata aactgaaggg aaaagatgag acggattccc caacagtcca 1140
30 tttgggcctg gactctgatt cagagagcga acttgtcata gatttaggag aagaccattc 1200
tggcgggag ggtcgaaaaa ataagaagga acccaaagaa ccatctocca aacaggatgt 1260
tgtaggtaaa actccacat ccacgacggt gggcagccat tctccccggg aaacaccgg 1320
gtcacccgc tcttcgccc aaacttcgc ggctggcgcc acagccacca ccagcacgtc 1380
ctccacggtc accgtcacgg ccccgcccc cgccgccaca ggaagcccag tgaaaaagca 1440
35 gaggcgctt ttaccgaag aggactgcc cgccgtgca gcgggtccgt gtggaactca 1500
tcaagtaaag tttcaaact cct 1523

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2241 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
55 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

5

```
cgccgcccaa ggcgcagaag ccgagctggg aaaagggagg cagaggaggc ggaggcagag 60
gcagaggcag agcccgtgtc cgagaccaag cgacagaccg gcggggctgg gcctcgcaaa 120
gccggctcgg cgagctctcc cgacaccga gccggggagg aaaagcagcg actcctcgct 180
cgcatccccg ggagccgcac tccagactgg ccggttagtc aggggctcag gacagatcc 240
cgaggcaggc tttgctcagc ctccgacgag ggctggccct ttggaaggcg ccttcaacag 300
ccggaccaga caggccacca tgaccgagaa ttccacgtcc gcccctgcgg ccaagcccaa 360
gcggggccaa gcttccaaga agtccacaga ccaccccaag tattcagaca tgatcgtggc 420
tgccatccag gccgagaaga accgcgctgg ctctcgcgc cagtccattc agaagtatat 480
caagagccac tacaaggtgg gtgagaacgc tgactcgagc atcaagttgt ccatcaagcg 540
cctggtcacc accggtgtcc tcaagcagac caaaggggtg ggggcctcgg ggtccttccg 600
gtagccaag agcgacgaac ccaagaagtc agtggccttc aagaagacca agaaggaaat 660
caagaaggta gccacgcaa agaagccaag aaggctgcct ccaaagcccc 720
aaccaagaaa cccaaagcca ccccggtcaa gaaggccaag aagaagctgg ctgccacgcc 780
caagaaagcc aaaaaacca agactgtcaa agccaagccg gtcaaggcat ccaagcccaa 840
aaaggccaaa ccagtgaac ccaaagcaaa gtccagtgcc aagagggccg gcaagaagaa 900
gtgacaatga agtcttttct tgcggacact cctcctgtc tcctattttc tgtaataaat 960
tttctccttt tttctctctt gatgtctacc accacctttt gcccccttct gttctgactt1020
tataagagac aggatattga ttcttcagaa attacagaat aattcatttt tccttaacca1080
gttgtagcaag gacagcaaca accaatctaa tgaatgagaat gtacttatat tttgtttgcl1140
ttaaaccta cttacgggt tagggatttg cgggggggct tgtgtgtttt gttggtgtt1200
ttgccatgaa ggtagatgtg ggtggggaga agacacaagg cagtttgttc tggctagatg1260
agagggaacc caggaattgt gaggttagca ggaatatctt tagggtgagt gagttttcct1320
tgagtggggc acccgttgtg agagtttcag aacctttggc cagcaggaga gaggtggtag1380
ggagcagcca gccggcaaaag gaaggaggtg gaaaaaaacc gccaccgggc tgacttccac1440
ctcccagtgg tagcagtggt gggcccaaac ccagtttctt tctcattttt gttagtttgc1500
cctttcggcc tccctatttt cttagggaag gggagtgggg tccaagtgc agctggatgg1560
gagaagccat agtttctccc agtcagctag gatgtagcca ttgggggatc tttggtggctt1620
cagcaaatc tcttggttaa ccggagtga aacttcaggg gaagggtggg gagtgcgcca1680
agtgcctcag tgtgccctgt tgaaacttag gtttttccac gcaatcgatg gattgtgtcc1740
taggaagact tttcttttcc tctggatttt tgttcctcct gtacaagagg tgtctttgct1800
tggtttggtg gggctgcggc cacttaaaac ctcccgatct ctttttgagt cctttattat1860
aagtattgt agctgcggga gggggagggg gagtgggcgg gcagtggata gtaagactta1920
ctgcagtcga tttgggattt gctaagtagt ttacagagc tagatctgtg tgcagtgtgt1980
tgtttgtgta tatatacata tctagggtca gtacttagtt tcacaccggg gagctgggag2040
aaaaaacctg tacagttgtc tttctcttat ttttaataaa atagaaaaat cgcgcacttg2100
cgcgtccccc cccaccccc ttttttaaac aagtgttact tgtgccggga aaattttgct2160
gtctttgtaa ttttaaaact ttaaaataaa ttggaaaagg gagaaactga aaaaaaaaaa2220
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 2241
```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 631 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

tgacaatggc ttctttaaaa tactcagagg acaggatcac ggtggaatcg aatcagaagt 60
ggtggctgga attccacgca ccgatcagta ctgggaaaag atctaactcg ccgtgggcct120
gtcgtgccag tcctgggggc gagatggggg tagaaatgca tgtgatgcgt taagtccacg180
15 taagatacaa gtttcagaca gggtcggaag gactggattg gccaaacatc agacctgtct240
tccaaggaga ccaagtccctg gctacatccc agcctgtggt tacagtgcag acaggccatg300
tgagccaccg ctgccagcac agagcgctct tccccctccg tgatccatcc atctccaggg360
agcaagacag agacgcagga atggaaagcg gagttcctaa caggatgaaa gttcccccat420
cagttcccc agtacctcca agcaagtagc ttccacatt tgtcacagaa atcagaggag480
20 agatggtgtt gggagccctt tggagaacgc cagtctccca ggccccctgc atctatcgag540
tttgcaatgt caaacctctc tgatcttgtg tcagatgatt cttaatagga gtttattttt600
cgggcagctg cgaatcaggg gggtaccagg g 631

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 980 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

50 ggggccggga ggggtacttag ggccggggct ggcccaggct acggcggctg cagggtccg 60
gcaaccgctc cggcaacgcc aaccgctccg ctgcgcgcag gctgggctgc aggtctcgcg120
ctgcagcgtc ggggtgatct aggatccggc ttccaacatg tggcagctct gggcctccct180
ctgctgctg ctggtgttg ccaatgcccg gagcaggccc tctttccatc ccctgtcgga240
tgagctggtc aactatgtca acaaacggaa taccacgtgg caggccgggc acaacttcta300
caacgtggac atgagctact tgaagaggct atgtgtggtacc ttcttggtg ggcccaagcc360


```

acccagaga gttatgttta cagaggacct gaagctgcct gcaagcttcg atgcacggga420
acaatggcca cagtgtccca ccatcaaaga gatcagagac cagggctcct gtggctcctg480
ctgggccttc ggggctgtgg aagccatctc tgaccggatc tgcattccaca ccaatgcgca540
cgtcagcgtg gaggtgtcgg cggaggacct gctcacctgc tgtggcagca tgtgtgggga600
5 cggtgtaat ggtggctatc ctgctgaagc ttggaacttc tggacaagaa aaggcctggt660
ttctgtggc ctctatgaat cccatgtagg gtgcagaccg tactccatcc ctccctgtga720
gcaccacgtc aacggctccc ggccccatg cacgggggag ggagataccc ccaagtgtag780
caagatctgt gaggctgggt acagcccgac ctacaaacag gacaagcact acggatacaa840
ttctacagcg tctccaatag cgagaaggac atcatggccg agatctacaa aaacggcccc900
10 gtggagggag gttctctgtg tattcggact tctgcctaga gtcagggggg acaaaagtcc960
cggaatttg gggggccgcc                                     980

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2238 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

```

cacatgttcg gggaccgagt ggggtcaatc ttctggtgct gcctctccag gtctcttcca 60
ggccgggtcat agacgtactc cctctgaggc cgaccgatgg ttagaagagg tgtctaagag 120
40 cgtccgggct cagcagcccc aggcctcagc tgctcctctg cagccagttc tccagcctcc 180
tccacccact gccatctccc agccagcatc acctttccaa gggaatgcat tcctcacctc 240
tcagcctgtg ccagtgggtg tggtoccagc cctgcaacca gcctttgtcc ctgcccagtc 300
ctatcctgtg gccaatggaa tgccctatcc agcccctaag gtgcctgtgg tgggcatcac 360
tccctcccag atggtggcca acgtatttgg cactgcaggc caccctcagg ctgcccattc 420
45 ccatcagtca ccagcctgg tcaggcagca gacattccct cactacgagg caagcagtgc 480
taccaccagt cctttcttta agcctcctgc tcagcacctc aacggttctg cagctttcaa 540
tggtgtgat gatggcagg tggcctcagc agacaggcat acagagggtc ctacaggcac 600
ctgcccagtg gatccttttg aagcccagtg ggctgcatta gaaaataagt ccaagcagcg 660
tactaatccc tcccctacca accctttctc cagtgaacta cagaagacgt ttgaaattga 720
50 actttaagca atcattatgg ctatgtatct tgtccatacc agacagggag cagggggtag 780
cggctaaaagg agcaaaacag actttgtctc ctgattagta ctcttttcac taatcccaaa 840
gggtcccaagg aacaagtcca ggcccagagt actgtgaggg gtgattttga aagacatggg 900
aaaaagcatt cctagagaaa agctgccttg caattaggct aaagaagtca aggaaatgtt 960
gctttctgta ctccctcttc cttaccccc ttacaaatct ctggcaacag agaggcaaag1020
55 tatctgaaca agaattctata ttccaagcac atttactgaa atgtaaaaca caacagggaag1080
caaagcaatc tccctttgtt tttcaggcca ttcacctgcc tcctgtcagt agtggcctgt1140
attagagatc aagaagagtg gtttgtgctc aggctgggga acagagaggc acgctatgct1200

```

```

gccagaattc ccaggagggc atatacagcaa ctgcccagca gagctatatatt ttgggggaga1260
agttgagctt ccattttgag taacagaata aatattatat atatcaaaag ccaaaatctt1320
tatttttatg catttagaat attttaataa gttctcagat attaagaagt tgtatgagtt1380
gtaagtaatc ttgccaaagg taaaggggct agttgtaaga aattgtacat aagattgatt1440
5  tatcattgat gcctactgaa ataaaaagag gaaaggctgg aagctgcaga caggatccct1500
agcttgtttt ctgtcagtc ttcattgtaa gtacacatt gcaacaacaa tcatgcttat1560
gaccaataca gtcactagg ttagtgtttt tttaaataaa ggaaaagcag tattgtcctg1620
gttttaaac tatgatggaa ttctaattgc attattttta tggaatcaat cgaaatatgc1680
tctatagaga atatatcttt tatatattgc tgcagtttcc ttatgttaat cttttaacac1740
10 taaggttaaca tgacataatc ataccataga agggaacaca ggttaccata ttggtttgta1800
atatgggtct tgggtgggtt tgttttatcc tttaaatttt gttcccatga gttttgtggg1860
gatggggatt ctgggtttt tagctttgtg tgtgtcctct tccccaaaac ccccttttgg1920
tgagaacatc cccttgacag ttgcagcctc ttgacctcgg ataacaataa gagagctcat1980
ctcattttta cttttgaacg ttggccttac aatcaaatgt aagttatata tattgtact2040
15 gatgaaaatt tataatctgc ttttaacaaa ataatgttc atggtagaaa aatttgccca2100
tgaagggtcg ttctttcccc tttcctttat tagtaaata atttattttt cgttcttttg2160
gtcttactct ccattctact gctgctgtaa atccctagtt tagtgactag aaaaataccc2220
ttaagattca tattttca 2238

```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 398 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

```

45 tgcagattgg ttggggcagc ccggggaggc tggctccgac acacgactga gtgtgcctac 60
actggtccca caggttttca gctgtggagt ttgggatctg agcttgagc ccatttgttt120
ctggcagttc cgctcatatt ttccacttga agacatcgcc tccgttcctt ccaagctggg180
agaccagaag tcaacaacag gaggggtggag aggccgggtc tcacaatccg cttggctggg240
gagtccactg aggttcttgc atcctgaagc aaaccatgga gagctgggtg ggacttcct300
50 gttttgcgtt cctgtgtttt ctaatgcacg cccgaggtca aagagacttt gattttggca360
gatgcccttg atgacctga aaccaccaa gaagccaa 398

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1084 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

20
ggcgggtggcg gaagtgggag cgggcctgga gtcttggcca taaagcctga ggcggcggca 60
cggcggagtt ggcggttg agagctcggg agagttccct ggaaccagaa cttggacctt 120
ctcgcttctg tcctccggtt agtctcctcc tcggcgggag cctcgcgacg gcccggcccg 180
gagccccag cgcaggcccc cgtttgaagg atgacctcta ggaagaaagt gttgctgaag 240
25 gttatcatcc tgggagattc tggagtcggg aagacatcac tcatgaacca gtatgtgaat 300
aagaaattca gcaatcagta caaagccaca ataggagctg actttctgac caaggaggtg 360
atggtggatg acaggctagt cacaatgcag atatgggaca cagcaggaca ggaacggttc 420
cagtctctcg gtgtggcctt ctacagaggt gcagactgct gcgttctggt atttgatgtg 480
actgccccca acacattcaa aaccctagat agctggagag atgagtttct catccaggcc 540
30 agtccccgag atcctgaaaa cttcccattt gttgtgttgg gaaacaagat tgacctcgaa 600
aacagacaag tggccacaaa gcgggcacag gcctggtgct acagcaaaaa caacattccc 660
tactttgaga ccagtgccaa ggaggccatc aacgtggagc aggcgttcca gacgattgca 720
cggaatgcac ttaagcagga aacggagggtg gagctgtaca acgaatttcc tgaacctatc 780
aaactggaca agaatgaccg ggccaaggcc tcggcagaaa gctgcagttg ctgagggggc 840
35 agtgagagtt gagcacagag tccttcacaa accaagaaca cacgtaggcc ttcaacacaa 900
ttcccctctc ctcttccaaa caaacatac attgatctct cacatccagc tgccaaaaga 960
aaaccccatc aaacacagtt acaccccaca tattctctca cacacacaca cacacggcac 1020
acacacacac acagggttgg acgttattca gattgcggcc tttgccgtgt tgggttcgtg 1080
ggggg 1084

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1259 Basenpaare
45 (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

10

```
taaaatacag aagaagagtc cacacactgt ttcacgagaa ggagtgtatc atgatttgta 60
gtaatcgaag aacatgttta tgggaacagg gtgactcagc tctcctgggg aggatggatg 120
aggagttagc aggaagagag ggtaccaagt gaggggaaag cagcaggggtg ggtctggggc 180
atggacagga agcagaggct gggaaaagct acatctttta ttcattgcttt ttcacaggag 240
15 ctgaagtggg aatcagtaca tcgagaatcc acggccgggg accagtagga cttgagggac 300
tgcttactac taagtggctg ctgcgaggga aggaccacgt ggtctcagat ttctcagagc 360
atggaagttt aaaatatctt catgagaacc tccctattcc tcagagaaac accaactgaa 420
aagagccagg aaaacccggg aattttccaa aagggtcttca cgttaaactt gtcttatctc 480
aggagagagc ccgctcttgt ctcccagttc ctggtagggg ctgcctgttg gaaagtgtac 540
20 ctggatgctt ctgggctccg tttggcaata gcaatcttg ctgatgtgca cagtctggct 600
cccagctcac cctttttttt taaaagtaag aaaatagttg ctaccgatag ggactttgcc 660
aagtccaatt atcttctagg attgaaagg gtattttccc cataaaaaag gcgaggaaaa 720
cccatggctg ctttgtgtca cctcagtgac ttacagtccc ccttggcatt tagttggtag 780
tagagccagt catccttaac aaatcttttc acattttatt tctttcacat gtagtcatct 840
25 tcaaaaagga aagatttgga attttagaaa aggggcaact cttcttttta gcatttctcat 900
cagaaagtca caaaaatcga tggaatcatt tccactggga agattgacct tttgtattta 960
tttgtggggg aaattaataa gcattccaga tgcttgacgc ttcctgcac caggagatgc 1020
tgtgttcccc gtgatgcagc tggaacccaa gctgcagcag gagatgcaag tttcaggatg 1080
ttccccactg agctggagga atatctacag cagtgatgct tgaaattttt gtatgaattat 1140
30 ttttgtcgtc ctaccctttt cctccaaaac aaaaattaga ggattatttt aatactttgg 1200
attcttcccc cttttttgag aaataaagtt ttttatgaaa agccaaaaaa aaaaaaaaaa 1259
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1938 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

```

ccaagatggc ggcacgatgc ctgcccggct gttgggggtgg cggtgacgac aggcagcaaa 60
agaccagctg gtcccagatt cgctgctgga gtgctggatg gagcctttct ctgccctctg 120
tgacatttcc aatttttagat aatgcctcac atctctgtcc ccccgggacc ccctggagcc 180
5 cccatgatcc ctaagaagac agcttgaacc tagatctcac cccaggatg ttgcggaggc 240
tgctggagcg gccttgacg ctggccctgc ttgtgggctc ccagctggct gtcattgatg 300
acctgtcact ggggggcttc cgaagtctca gtgccctatt tggccgagat cagggaccga 360
catttgacta ttctcaccct cgtgatgtct acagtaacct cagtccactg cctggggccc 420
caggggggtcc tccagctcct caagggtctgc cctactgtcc agaacgatct cctctcttag 480
10 tgggtcctgt gtcgggtgtcc tttagcccag tgccatcact ggcagagatt gtggagcgga 540
atccccgggt agaaccaggg ggcgggtacc gccctgcagg ttgtgagccc cgctcccga 600
cagccatcat tgtgcctcat cgtgccggg agcaccacct gcgctgctg ctctaccacc 660
tgaccccctt cttgcagcgc cagcagcttg cttatggcat ctatgtcatc caccaggctg 720
gaaatggaac atttaacagg gcaaaactgt tgaacgttgg ggtgcgagag gccctgcgtg 780
15 atgaagagtg ggactgcctg ttcttgacg atgtggacct cttgccagaa aatgaccaca 840
atctgtatgt gtgtgacccc cggggacccc gccatgttgc cgttgctatg aacaagtgtg 900
gatacagcct cccgtacccc cagtacttcg gaggagtctc agcacttact cctgaccagt 960
acctgaagat gaatggcttc cccaatgaat actggggctg ggggtgtgag gatgacgaca 1020
ttgctaccag ggtgcgctg gctgggtaga agatctctcg gccccccaca tctgtaggac 1080
20 actataagat ggtgaagcac cgaggagata agggcaatga ggaaaatccc cacagatttg 1140
acctcctggg ccgtaaccag aattcctgga cgcaagatgg gatgaactca ctgacatacc 1200
agttgtctggc tcgagagctg gggcctcttt ataccaacat cacagcagac attgggactg 1260
accctcgggg tcctcgggct cctctctggg cactgttacc acctggttcc tccaagcct 1320
tccgtcaaga gatgctgcaa cgccggcccc cagccaggcc tgggcctcta tctactgcc 1380
25 accacacagc cctccgaggt tcacactgac tcctccttcc tgtctacctt aatcatgaaa 1440
ccgaattcat ggggttgtat tctcccacc ctcagctcct cactgttctc agagggatgt 1500
gagggaactg aactctggtg ccgtgctagg gggtaggggc ctctccctca ctgctggact 1560
ggagctgggc tcctgtagac ctgaggggtc cctctctcta gggctcctg tagggcttat 1620
gactgtgaat ccttgatgtc atgattttat gtgacgattc ctaggagtcc ctgcccctag 1680
30 agtaggagca gggctggacc ccaagcccct ccctcttcca tggagagaag agtgatctgg 1740
cttctcctcg gacctctgtg aatattttatt ctatttatgg ttcccgggaa gttgtttggt 1800
gaaggaagcc cctccctggg cattttctgc ctatgctgga atagctccct cttctggtcc 1860
tggctcaggg ggctgggatt ttgatataatt ttctaataaa ggactttgtc tcgcaaaaaa 1920
aaaaaaaaa aaaaaaaa
35

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 40 (A) LÄNGE: 1874 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

```

5  caaaaaaacc tcttaatat ctggagtcatt cttcccttc gacagcattt tcctctgctt 60
   tgaaagcccc agaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
   tctttgccaa gacctttcaa agccatttta ggctgttagg ggcagtggag gtagaatgac 180
   tccttgggta ttagagtttc aaccatgaag tctctaaca tgtattttct tcacctctgc 240
   tactcaagta gcatttactg tgtctttggt ttgtgctagg cccccgggtg tgaagcacag 300
   accccttcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac tttttttttt 360
10  aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaacact gatttcccct 420
   tttgcattct cctcctctcc cttccttgta gccttttgac tttcattgga aattaggatg 480
   taaatctgct caggagacct ggaggagcag aggataatta gcattctcagg ttaagtgtga 540
   gtaatctgag aaacaatgac taattcttgc atattttgta acttccatgt gagggttttc 600
   agcattgata tttgtgcatt ttctaacag agatgaggtg gtatcttcac gtagaacatt 660
15  ggtattcgct tgagaaaaaa agaatagttg aacctatttc tcttcttta caagatgggt 720
   ccaggattcc tcttttctct gccataaatg attaatataa tagcttttgt gtcttacatt 780
   ggtagccagc cagccaaggc tctgtttatg cttttggggg gcataatatt gggtccattc 840
   tcacctatcc acacaacata tccgtatata tcccctctac tcttacttcc cccaaattta 900
   aagaagtatg ggaaatgaga ggcatttccc ccaccccat tctctcctca cacacagact 960
20  catattactg gtaggaactt gagaacttta tttccaagtt gttcaaacat ttaccaatca 1020
   tattaataca atgatgctat ttgcaattcc tgctcctagg ggaggggaga taagaaacc 1080
   tcaactctca caggtttggg tacaagtggc aacctgcttc catggccgtg tagaagcatg 1140
   gtgccctggc ttctctgagg aagctgggtt tcatgacaat ggcagatgta aagttattct 1200
   tgaagtcaga ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgctgttc 1260
25  tctagaaaga atatttggtt ttcctgtata ggaatgagat taattccttt ccaggatatt 1320
   tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagcca tttttactgt tatcctattt 1380
   agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaacaaac attgatgctg acagtcatgc 1440
   agtctgggag tggggaagtg atcttttggt cccatcctct tcttttagca gtaaaatagc 1500
   tgagggaaaa gggagggaaa aggaagtatt gggaatacct gtggtggtg tgatccctag 1560
30  gtcttgggag ctcttgaggg tgtctgtatc agtggatttc ccatcccctg tgggaaatta 1620
   gtaggctcat ttactgtttt aggtctagcc tatgtggatt ttttcctaac atacctaa 1680
   aaaccagtg tcaggatggt aattcttatt ctttcgttca gttaagtttt tcccttcatt 1740
   tgggactgga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtagtcttc aaccagggat 1800
   tgtttctgtt taacttctta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc tttttgtatg 1860
35  tcaaaaaaaa aaat 1874

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

```

40  (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
     (B) TYP: Protein
     (C) STRANG: einzel
     (D) TOPOLOGIE: linear

```

```

45  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

```

```

     (iii) HYPOTHETISCH: ja

```

```

50  (vi) HERKUNFT:
     (A) ORGANISMUS: MENSCH

```

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

```

55  RDIWTMNLQR YWGEIPISSS QTNRSSFDLL PREFRLVEVH DPPLHQPSAN KPKPPTMLDI 60
     PSEPCSLTIH TIQLIQHNRR LRNLIAATAQ QNQQTGEGVK TEESEPLPSC PGSPPLPDDL 120
     LPLDCKNPNA PFQIRHSDPE SDFYRGKGEP VTELSWHSR QLLYQSGSTN PGQRRAFDCA 180
     NESVLEDPNL MLAHEYWP 198

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- 5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

20 IVWMVRLHGS EGMSSIVGGF GLLAEGWCRG GSWTSTRNS RGSKSKEALL VWLDDIGISP60
QYLCRFIVHM SLQVQQTFIK CQAFVGVQRL IM 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

- 25 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

40 DPCPERSTKN RHGAQGMPPS LQGFPRSRSA GAGANHRVLR SPDVQGSRTK GRSQPEPRQG60
GTTLFTAASQ SGLGGCLDLE RPEARIASDP ESWFVD 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

- 45 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

10 EGRVQQGSFV NVQQGPQEPF IEFIHQLTQA IKSTHGTSTI PRVSRITLKD KP 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

15 (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

30 PSRTSHSGTL PIPRLKICFK KRGNMNKDPT TLLAQVLFTL NFLNLDN 47

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

35 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

50 LSKFKKLRVN NTCASSVVGSLFIFPLFLKH IFKRGMGNVP LWLVLEGYTR YPWNGRCSMC60
ALNCLG 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

REGEGRPEGN GDIRGGLRSG CDLSLLAPLL FPSSSESWEC CYPWKIKLGL QELSVWEESM 60
AQHSACVPFC SGSLSPPPSQ PQLSPSPSS SPEDSSDGRA GPPEPTGSSG CTGSWCSLSP120
VHFHWGMEC PCILCCRSPH LHLRGLGSPS SPQCPQSLQ TVGWNMRLEA ERGSEHHSPC180
20 TWVASC 187

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149

25

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149

REDWNRGKGE VAPCFVQPGS WQPCWGGLDP TTPAHLAEHL VPIEDCLPLL LHLQLPPLL 60
TFHTLQDCVC SGSPGECSSC CHRASILILL LIVQLLSVCI RLSDQRVHQH QEGHVEQQGT120
HHQVDDNDD LDGGGLRSSY LSHSRQ 147

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150

10 FFFFWREIK QFNDGFLDLH TTLRQEDKIF SPCTGTTKFR DKRQPKYRGC GVQIHAQPRV 60
SCSNRPSGSV TVDTGERRDC PDPSSAGEGT GSRVCMGTPC PSARSAQGTA NTSFQCTLKT120
QWAQGAQLSH QSCPQGWSWG WG 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151

15

(A) LÄNGE: 464 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151

35 RQQTVLGSCS SSILPCQLLK HQGSSKTEMT KNWLIQTKRR YFSSPKQMSM THWPRTAWLT 60
GCSVTLFLFP SQYVDVASLG LVPQLTGGL YKYNFQMH L DRQQFLNDLR NDIEKKIGFD120
AIMRVRTSTG FRATDFGGI LMNNTDVEM AAIDCDKAVT VEFKHDDKLS EDSGALIQCA180
VLYTTISGQR RLRIHNLGLN CSSQLADLYK SCETDALINF FAKSAFKAVL HQPLKVIREI240
LVNQTAHMLA CYRKNCASPS AASQLILPDS MKVLPVYMNC LLKNCVLLSR PEISTDERAY300
QRQLVMTMGV ADSQLFFYPQ LLPIHTLDVK STMLPAAVRC SESRLSEEGI FLLANGLHMF360
LWLGVSPPPE LIQGI FNVPS FAHINTDML LPEVGNPYSQ QLRMIMGIIQ QKRPYSMKLT420
40 IVKQREQPEM VFRQFLVEDK GLYGGSSYVD FLCCVHKEIC QLLN 464

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152

5 TMLEKIPKEE QEETSAIRVG FITYNKVLHF FNVKSNLAQP QMMGVTDVGE VFVPLLDGFL 60
VNYQESQSVI HNLLDQIPDM FADSNETV FAPVIQAGME ALKAADCPGK LFIFHSSLPT120
AEAPGKLKNR DDKKLVNTDK EKILFQPQTN VYDSLAKDCV AHRLLCDTLP LS 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153

10

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153

GSTVFTEFVI VLELHGCLV TIDGSHFYIG GVVHQDSTKE ISGSETCAGT NPHNSIKAYF 60
LFNIISEVVQ KLLSIQVHLE IVVFVKGSSS ELRNQPQRGH VHILTRKEE CHRAAGEPRS120
PWPMShRLHF GAGKVSSLCL Y 141

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- (A) LÄNGE: 504 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

LDRCGLYPVS SLLQVEGSLW RAAGVFQPPP GLAHANDWRF TARVHGGALG EHDKMVAAAT 60
50 GSEILLWALQ AEGGGSEIGV FHLGVPVEAL FFVGNQLIAT SHTGRIGVWN AVTKHWQVQE120
VQPITSYDAA GSFLLLGCNN GSIYYVDVQK FPLRMKDNDL LVSELYRDPA EDGVTALSVY180
LTPKTSDSGN WIEIAYGTSS GGVRVIVQHP ETVGSGPQLF QTFTVHRSPV TKIMLSEKHL240
ISVCADNNHV RTWSVTRFRG MISTQPGSTP LASFKILALE SADGHGGCSA GNDIGPYGER300
DDQQVFIQKV VPSASQLFVR LSSTGQRVCS VRSVDGSPTT AFTVLECEGS RRLGSRPRRY360

LLTGQANGSL AMWDLTTAMD GLGQAPAGGL TEQELMEQLE HCELAPPAPS APSWGCLPSP420
SPRISLTSLH SASSNTSLSG HRGSPSPQA EARRRGGSF VERCQELVRS GDLRRPPTP480
APWPSSGLGT PLTPPKMKLN ETSF 504

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

25 GQPARPGAMA AAATAAEGVP SRGPPGEVIH LNVGGKRFST SRQTLTWIPD SFFSSLLSGR 60
ISTLKDETGA IFIDRDPTVF APILNFLRTK ELDPRGVHGS SLLHEAQFYG LTPLVRRLQL120
REELDRSSCG NVLFNGYLPP PVFPVKRRNR HSLVGPQQLG GRPAPVRRSN TMPPNLGNAG180
LLGRMLDEKT PPSPGQPEE PGMVRLVCGH HNWIAYAYTQ FLVCYRLKEA SGGQLVFSSP240
RLDWPMRTTG ASQPGCMVGL WVNMTRWVQO PPAARSCYGL CRRKAVAPR 289

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

50 VPQDQGIPIRH HGSCVVQKEV SLSFILGGVR GVPRPLEGHG AGVGRRRRSG PLRTSSWQRS 60
TKLPPPRRRA SACGGLGLPR WPDKEVLLEA EWRLVREMRG EGLGRQPHEG AEGAGGASSQ120
CSSCSISSCS VRPPAGAWPR PSMVVRSHM AKLPLAWPVS R 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 262 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

15

QLWGFAAGSD SRPAMGCDGG TIPKRHELVK GPKKVEKVDK DAELVAQWNY CTLSQEILRR 60
PIVACELGRL YNKDAVIEFL LDKSAEKALG KAASHIKSIK NVTELKLSDN PAWEGDKGNT120
KGDKHDDLQR ARFICPVVGL EMNGRHRFCF LRCCGCVFSE RALKEIKAEV CHTCGAAFQE180
DDVIVLNGTK EDVDVLKTRM EERRLRANWK RKQRNPRQQS LFQNMVSVKK PQGHQKLRQG240
20 SLKKPALILE RRKPTWLPKA QQ 262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

25 (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

40

CHRAQWHQGG CGRAEDKDGG EKAESELEKK TKKPAAESV SKPDVSEEAP GPSKVKTGKP 60
EEASLDSREK KTNLAPKSTA MNESSSGKAG KPPCGATKRS IADSEESEAY KSLFTTHSSA120
KRSKEESAHW VTHTSYCF 138

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

10 HLVLKQTLFP WVSLFSFPIR SQPSLLHPCL QHVHILLGAI EHDDIILLEG SPTRVANFRF 60
YLFQGSRLRH TAAAPKEAEP VSAVHLQAHN GADETRPLEV IVLVTFVSF IPFPGRIIRK120
LQLCHILNAF NVRCCLPKSL FCRFVQEFN DGIFVIKSAK FTGNYWSS 168

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

15 (A) LÄNGE: 238 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

30 HQWHITAMGS QHSAAARPS CRRKQEDDRD GLLAEREQEE AIAQFPYVEF TGRDSITCLT 60
CQGTGYIPTE QVNELVALIP HSDQRLRPQR TKQYVLLSIL LCLLASGLVV FFLFPHSVLV120
DDGDIKVVKV TFNKQDSLVI LTIMATLKIR NSNFYTVAVT SLSSQIQYMN TVVNFTGKAE180
35 MGGPFSYVYF FCTVPEILVH NIVIFMRTSV KISYIGLMTQ SSLETHHYVD CGGNSTAI 238

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

40 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

SSHEDHYVVH QDLRYRAEEV HIGKRSSH LG LPGKIHHCVH VLNLAGQAGH CHRVEVGVPD60
FQGGHDGENY KGVLLIKCDF HHFDAVIIHK D 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

5

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

MRKQEEHQ T RCQETKQDGQ EDILLSSLRA QSLITVWDQS HQLIYLLCWN VACPLARETG 60
DAISPGEFHI WELSNGFLL SFSQQTVPVI FLLSPAGGGA SSSGMLRPHG RDMPLVSCPA120
SSVGAARTQ RAG 133

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

AAGAAGPHRR RHPLHPSLLR EHHSQAQAPE GVRPGQSTLS RIEAVQPQLP RPSGLPSLWG60
WLPWLLGTRP QRHPEIPPET QCASTAVRRS A 91

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

LDNPTQRNKD QLIRAAVKFL DTDTCYRVE EPETLVELQR NEWDPPIEWA EKRYGVEISS 60
STSIMGPSIP AKTREVLVSH LASYNTWALQ GIEFVAAQLK SMVLTGLID LRLTVEQAVL120
LSRLEEEYQI QKWGNIEWAH DYELQELRAR TAAGTLFIHL CSESTTVKHK LLKE 174

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

CLGLLHPVAD GVGQVKLHGC PDQLILVSLG WVVQSRVAQC GQVHGVVLDG ILLGIPLSTL60
CTCQGL 66

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

SWRETEIKEQ LTHELCTIIQ QNELRKAKKL EELMQQLDVE ADEETLELEV EVERLLHEQE 60
VESRRPVVRL ERPFQPAES VTLEFAKENR KCQEQA VSPK VDDQCGNSSS IPFLSPNCPN120
QEGNDISAAL AT 132

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- 10 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

25 QILMSHSPPQ AEMASLNEPL VSLILLLV RV AISRPPPQAP KSLHRLHLV VASTPPTSWP60
FGAHFAV 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

30

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

NGLSKRTTGL LDSTSCSCSN LSTSTSSSKV SSSASTSSCC INSSNFLAFR SSFCCMIVQR60
CSVSCSFISV SRHE 74

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

15 GRGGLGCRSW RCAGSSRPYS EVFSVALLER GSSCILRIFC ISAPFSSRCH RMPQIGPVPS60
VNQTSETASL QGQSPSTDEL ERDSEMQRP 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

20 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

35 GPLHFRIPLK LICTWTTLTK RGGFRSLIHR GDRTYLGHPM AARREGSRNA KYSQDAGGTP60
LKERHGENFR VRAR 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

40 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

AVAFQNPSQA HLYLSDPEA RRFPKSDSPR GQDLFGASDG SEKRREPKCK IFSRCRRNPS60
QGAPRRKLQS TGAMIQHNAR TCSPAHLSP 89

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

PSPAVLGDQP PSASGAVHRK LSLEVCCCQE RAQMGPVMAA TSTSCGRARL LARSAQWLTT 60
MLSSAAVWLG SRRLTCGEN PSYALVAFLC LSRESPSAKP 100

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

- (A) LÄNGE: 495 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

SRTNTPVETW KGSKGKQSYT YIIIEENTTTT FTWAFQRTTF HEASRKYTND VAKIYSINVT 60
NVMNGVASYC RPCALEASDV GSSCTSCPAG YYIDRDSGTC HSCPPNTILK AHQPYGVQAC120
VPCGPGTKNN KIHSLCYND C TFSRNTPTRT FNYNFSALAN TVTLAGGPSF TSKGLKYFHH180
FTLSLCGNQG RKMSVCTDNV TDLRIPEGES GFSKSITAYV CQAVIIPPEV TGYKAGVSSQ240
PVSLADRLIG VTTDMTLDGI TSPAELFHLE SLGIPDVIFF YRSNDVTQSC SSGRSTTIRV300
RCSPQKTVP G SLLLPGTCS D GTCDCGNFHF LWESAAACPL CSVADYHAIV SSCVAGIQKT360
TYVWREPKLC SGGISLPEQR VTICKTIDFW LKVGISAGTC TAILLTVLTC YFWKKNQKLE420
YKYSKLV MNA TLKDCDLPAA DSCAIMEGED VEDDLIFTSK KSLFGKIKSF TSKRTPDGF480
SVPLKTSSGG PDMDL 495

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- 5 (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

20 GHNEEISSSG CCRMLAPKSP QACKGAMQGE EAGEAGSASH RMSGGPPEDV FSGTESNPSG 60
VLLEVNDLIF PKSDFLLVKM RSSSTSSPSM MAQLSAAGRS QSLRVAFTS LEYLYSSF 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- 25 (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

40 RNTRGHFRAC QRKLKPCSVS TVYKFNRNAC QRGLFEKRVF SEPVLVQEK GVLLKRKLSL 60
LEQDVIVNED GRNKLKQGE TPNEVCMFSL AYGDIPPELI DVSDFECSLC MRLFFPEVTT120
PCGHSFCKNC LERCLDHAPY CPLCKESLKE YLADRRYCVT QLLEGINSEV SA 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- 45 (A) LÄNGE: 248 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

10 QIGGTVSHSC WKELIVKYL P DELSERKKIY DEETAELSHL TKNVPIFVCT MAYPTVPCPL 60
HVFEPYRLM IRRSIQTGTK QFGMCVSDTQ NSFADYGCML QIRNVHFLPD GRSVVDTVGG120
KRFRVLKRG M KDGYCTADIE YLEDVKVENE DEIKNLRELH DLVYSQACSW FQNLDRFRS180
QILQHFGSMP ERRENQAAP NGPAWCWLL AVLPVDPYQ LSVLSMKSLK ERLTKIQHIL240
TYFSRDQF 248

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

35 HSTSYLLDTL LSFLCKEDNM VHDLNNAQDN SYRTNVRKGL LLAQKTTSCR ENTRNLRHRL 60
ILLEYHHKLR KTYRLHWEFL LVFSAYFFHL HLQSHPELKE TTFFSAEHLF LELTEQVLRA120
LFFQTVLSGR HFC 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60
EEPEPLSPEL EYIPRKRKGN PMKAVGLAWA IGFP CGILF ILTKREVDKD RVKQMKARQN120
MRLSNTGEYE QRFRASSQS APSPDVGSGV QT 152

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFTCFTRS LSTSRLVRMK 60
RRIPQGGKMA QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGRGSGSSL PSGELWLCRA RVLL 114

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

GLATAWASCA LWWTSEARTG IWAKPEDLTV NSLGGSQRSS GLHPRPNIRG RGTLLGGSPEP 60
45 LALILARVGQ PHVLPSLHLL HTVLVHFPLG EDEEEDTTRE ADGPGQSHSF HGV LAPLSGN120
VFQLRG 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

LVKCPKGEFS FHSNKDRFAH SLKQNVAMNI QPLHTYKDVR MIPPTKHTHS HTRTHMHT60
RACTHGHMHT HTHT 74

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

35

ILISFKQRQI CAFTQAECEGH EYSAPAYIQR CTHDSPHQAH TQSHTHTHH AHTRVHTRTH60
AHTHAHVNTC THAHTCTHAH TDTL 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

40

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

VCPCVHVCTC VHVCMCLRV R VCVHVSVCAR ACVHVCVCAC VTVCVLG GGN HAYIFVCMQG60
LNIHG HILLE 70

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

TVKFLRRLKV RGTKAGEISL SPEEGEADGS QQPALFLRVI FKFANCITGG PTFCFYQEFF60
FCKTLVMGI F 71

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
30 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

45 YLNLQIVLQE GLLSVFIKSF SFVQRHWLWE YFERVRNAGI KRCCRLILKV LTEPV 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
50 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

KQGRLLTSIC FSLLRKANL PCFGSPHFQP SQEFHCS

37

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

SPLLWFPALS AFSGISLFII YFHDLSAKLL IFCRKKV

37

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

MPDFKIARRK QTLRIKKAGH LLNPWLHHKA LGLGFLYLIE VFSVALGAVC LSPTPKDARK 60

TSTISHVATF TSMPHKCLSE SPNSAFFQNK PNAIQKKKK

100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

5

- (A) LÄNGE: 256 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

RSQAGPEAGQ PLPGSGKRSS CCHCSSGACS MGPLPRTVEL FYDVLSPYSW LGFEILCRYQ 60
NIWNINLQLR PSLITGIMKD SGNKPPGLLP RKGLYMANDL KLLRHHLQIP IHFPKDFLSV120
MLEKGSLSAM RFLTAVNLEH PEMLEKASRE LWMRVWSRNE DITEPQSILA AA EKAGMSAE180
25 QAQGLLEKIA TPKVKNQLE TTEAACRYGA FGLPITVAHV DGQTHMLFGS DRMELLAHLL240
GEKWMGPIPP AVNARL 256

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

30

- (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

SLAFTAGGIG PIHFSPSRCA SSSIRSEPNN MWVWPSTWAT VMGSPKAPYL QAASVVSLSW 60
FFTFGVAIFS RSPWACSADI PAFSAAARML CGSVMSSFLD QTRIHSSRDA FSSISGCSKF120
TAVRKRMA DK LPFSSITDKK SLGKWMGIWR WCLRSFKSFA MYSPLRGSRP GGLFPLSFMI180
50 PVMRLGRNCR LMFQIF 196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

15 EQRASAMRSS RAFRTVCSSW ATHGQLPAGL DDKTNIKTVC TYWEDFHSCT VTALDTCQEG 60
AKDMWDKLRK ESKNLNIQGS LFELCGSGNG AAGSLLPAFP VLLVSLSAAL ATWLSF 116

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

40 KRESGFPTIL YECFQHHRES QRPQRTNGSS SRFPGAWSEC GWARGGSWPH AQKESQVAKA 60
AERDTRSTGN AGSRDPAAPL PLPQSSNKLP WMLRFLDSFL SLSHISFAPS WQSVRAVTVQ120
LWKSSQYVHT VLMFVLSSRP AGSWPCVAQL EQTVRKALED RIALARCSHG LHQIRYLHRE180
DQ 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

HLANKTQEI KRNKKENQDFP QSYMSVFSIT ENHNVPKELM DLPLDFREHG VSVGGRAGGA 60
GPTLRKARS LKLPRETPGA PGTPGAGTPP PRCRCRRVRI SCLGC 105

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 426 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

EIYSLSRFIE VKMSKKISGG SVVEMQGDEN TRIIWELIKE KLIFPYVELD LHSYDLGIEN 60
RDATNDQVTK DAAEAIKKH VGVKCATITP DEKRVEEFKL QMWKSPNGT IRNILGGTVF120
REAICKNIP RLVSGWVKPI IIGRHAYGDQ YRATDFVVP PGKVEITYTP SDGTQKVTYL180
VHNFEEGGGV AMGMYNQDKS IEDFAHSSFQ MALSKGWPLY LSTKNTILKK YDGRFKDIFQ240
EIYDKQYKSQ FEAQKIWEH RLIDDMVAQA MKSEGGFIWA CKNYDGDVQS DSVAQGYGSL300
GMMTSVLVCP DGKTVEAEAA HGTVTRHYRM YQKGQETSTN PIASIFAWTR GLAHRKLDN360
NKELAFFANA LEEVSITIE AGFMTKDLAA CIKGLPNVQR SDYLNTFEFM DKLGENLKIK420
LAQAKL 426

30

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

RLLPKHLQRR QALYCYQALL CGLTLWSRQK WKQWDWWTSP VLSGTCGSDG LQSRGQPLLL60
LSCHLDKPAR WSSCRESHTL GPQSPTARHH HSFYRPR 97

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

LILIIHPHGN TTTFFKVMYQ VCHLLGSVTW CVGYLYFSRP RNNKISCSVL IPISMTTYDD60
REFYPSTHKPG DIFADNGFSE DRATQNISYG AIW 93

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 410 Aminosäuren
30 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

45 TDQPNIQSVK IHSPLRNPV KGCECPPRD GFGFIKCVDR DVRMFFHFSE ILDGNQLHIA 60
DEVEFTVVPD MLSAQRNHAI RIKKLPGTV SFHSHSDHRE LGTVEKEATF SNPKTTSPNK120
GKEKEAEDGI IAYDDCGVKL TIAFAQDVE GSTSPQIGDK VEFISDKQR PGQQVATCVR180
LLGRNSNSKR LLGYVATLKD NFGFIETANH DKEIFFHYSE FSGDVSLEL GDMVEYSLSK240
GKGKVSAAEK VNKTHSVNGI TEEADPTIYS GKVIRPLRSV DPTQTEYQGM IEIVEEGDMK300
50 GEVYPFGIVG MANKGDCLOK GESVKFQLCV LGQNAQTMAY NITPLRRATV ECVKDQFGFI360
NYEVGDSKKL FFHVKEVQDG IELQAGDEVE FSVIPKSSGG LAGSGACRCF 410

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

- (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

LNAILNFFHM EKELLAISYF IVNEAKLIFH TFHCGPAQGC DVVSHSLCIL AQDTQLELDA 60
LPFLQAIPIFV GHPNDKWDID LTFHIALLLHN LNHSVLVSLC WINTPQGANY FARVNGGISF120
LSNAIH 126

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

KSHTSCNLLS RPLFVTNTKF NLISYLRRSR SFHILGLKSN SQFHPTVIIS NNAILSLLLF60
AFIWASGFRI GKSGFFFYRA QKTVI 85

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

ATMRLSVCLL MVSLALCCYQ AHALVCPAVA SEITVFLFLS DAAVNLOQVAK LNPPPEALAA60
KLEVKHCTDQ ISFKKRLLI 79

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

SVQCFTSNLA ARASGGGLSL ATWRFTAASL KNKKTIVISEA TAGQTRAWAW 50

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

QVAVEKTLET QVEHFYMSHT HIFSLFPPT FSNEKPFLKR YLIGAVLHFQ LGCKSFWRWI60
KFGNLEVYRS VT 72

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

SFSPSLTTRA MNSSASSTST CSSYTLGTRL PVGGRGPTKV TCCTSNRLTL SLD

53

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

ALVVRFLTKR FIGDYERNAG NLYTRQVQIE GETLALQVQD TPGIQVHENS LSCSEQLNRC 60
IRWADAVVIV FSITDYKSYE LISQLHQHVQ QLHLGHPAAC GWSWANKSDL LHIKQVDPQL120
G 121

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

10 GPLPALAAGS TFPVLACSSA MAPKGSSKQQ SEEDLLLQDF SRNLSAKSSA LFFGNAFIVS 60
AIPWLYWRI WHMDLIQSAV LYSVMTLVST YLVAFAYKNV KFVLKHKVAQ KREDAVSKEV120
TRKLSEADNR KMSRKEKDER ILWKKNEVAD YEATTFISFY NNTLFLVVVI VASFFILKNF180
NPTVNYILSI SASSGLIALL STGSK 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

15 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

30 VLHQDSSPSC LLAPNRPCQL HPLALCLWVA CGIWKSSRVV RVGDTRCFYS LEPLKNPAEC 60
NSVFVYWLFF DRLLKLNELK GKLRVLGRLL KGKKCLAMCC NHKRRK 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

35 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

STYGQYVVC GVEVLQYEEG SNNDHDQEQS VVIEDGKCCS FIISNFILLP QDSFIFLLPR 60
HLSIISFRKF SSHFFGNSIL PLLCYFVLEN KFHILVCKGY QICAY 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

(A) LÄNGE: 549 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

LYPNFLVNEL ILKQKQRFEE KRFKLDHSVS STNGHRWQIF QDWLGTDQDN LDLANVNLML 60
ELLVQKKKQL EAESHAAQLQ ILMEFLKVAR RNKREQLEQI QKELSVLEED IKRVEEMSG120
YSPVSEDSTV PQFEAPSPSH SSIIDSTEYS QPPGFSGSSQ TKKQPWYNST LASRRKRLTA180
HFEDLEQCYF STRMSRISDD SRTASQLDEF QECLSKFTRY NSVRPLATLS YASDLNGSS240
IVSSIEFDRD CDYFAIAGVT KIKVVEYDT VIQDAVDIHY PENEMTCNSK ISCISWSSYH300
KNLLASSDYE GTVILWDGFT QRSKVYQEH EKRCWSVDFN LMDPKLLASG SDDAKVKLWS360
TNLDNSVASI EAKANVCCVK FSPSSRYHLA FGCADHCVHY YDLRNTKQPI MVFKGHRKAV420
SYAKFVSGEE IVSASTDSQL KLWNVGKPYC LRSFKGHINE KNFVGLASNG DYIACGSENN480
SLYLYYKGLS KTLTLFKFDT VKSVLDKDRK EDDTNEFVSA VCWRALPDGE SNVLIAANSQ540
GTIKVLELV 549

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

GTVLSSLTGE YKPLISSTLL ISSSKTLSSF WICSSCSLLF LLATLRNSIR ICSWAACDSA60
SSCFFCTSN SNIRLTLAKS RLSWSVPNQ5 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

FPSSLLFFFF FFFFCGSIN FYCFVIYFYS KEFVSLSQKL DNTTKSSNVH GVTLMVESWL60
GIPNVPKVIK EGKEKKKKIF KTNPKPMMTL GRDIT 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

KKMVRLGLFS CLLAIYSLW IVCIPYLLSI GLCVDILFLF VQHLLPHLLV TQPLFICGEP60
IPCGLGEHVT RPGLLSPTAS 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

5 LKKGKWAKAI HNRCKWPRN MKRCSSSLIF KEKKEILPTR LAKIFKDSGL ADYRQTGILT60
NDGVVNW 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

- 10 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

25 SPEVGQALGT AGSRASRKMT SELSSLSISA SIRVSPQTDS LHMAQIQAYM VLGSWDLHKA60
FFPVVPAEVL LRAFLSLA 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- 30 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

QAGKRALYKH TQTNTSGDGC VLLEQRLIKH SVCWLSVPLL ENNELGKEQL IRKCALLTVH 60
ITTKSWQLLK EKGLCRCSN LSVNSCQQPQ RLPPQHTLIT CVCLA 105

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

- (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

15 LSLTSRMEEA ELVKGRQLQAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60
ISSGKEQEEM KKQNQQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQDLEK AELQISTKEE AILKKLKSIE120
RTTEDIIRSV KVEREERAE SIEDIYANIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY180
AMEIKVEKDL RTGESTVLSS IPLPSDDFKR SRSKSL 216

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

40 FCFFISSCSF PLLIPSRSHF SLKAFFFKCW CFSLSSSIFR RFCEISSCIF LLSVMAWSLP 60
FTSSASSILE VKDSQTGKQV QSYHKSRSL GERSGGDRRE AGRNPLFAPV EK 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 339 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

SSQLRRRLVP APAAPRPRPN HGVLGRRLRG DRWQWSHWAK WAMLFASGGF QVKLYDIEQQ 60
QIRNALENIR KEMKLEQAG SLKGSLSVEE QLSLISGCPN IQEAVEGAMH IQECVPEDLE120
LKKKIFAQLD SIIDDRVILS SSTSCLMPSK LFAGLVHVQK CIVAHPVNPP YYIPLVELVP180
10 HPETAPTTVD RTHALMKKIG QCPMRVQKEV AGFVLNRLQY AIISEAWRLV EEGIVSPSDL240
DLVMSEGLGM RYAFIGPLET MHLNAEGMLS YCDRYSEGIK HVLQTFGPIP EFSRATAEKV300
NQDMCMKVPD DPEHLAARRQ WRDECLMRLA KLKSQVQPQ 339

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

15 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

KDPQITQKGI TKIITKIFCP HINMKTTITG CQIILKCNQA EKEVKISRL SAQVAGNRQP 60
RERKCCCAAR PRAMIQSDGQ TTGLHHPTQA AHKTASLGSP WAATYVTEG 109

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

LNIPSALRCM VSRGPMNAYR MPNPSDMTRS RSLGDTIPSS TSRQASLMIA YCRRFRTPKA60
TSFWTRMGHC PIFFIRAWVL STVVGAVSGW GTSSTSGM 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- 5 (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

20 TMFFTCGPNE AMVVS GF CRS PPVMVAGGRV FVLPCIQQIQ RISLNTLT LN VKSEKVYTRH 60
GVPI SVTGIA QVKLSEPFPH SPLPHHPLSQ TLRHLLATVF STLACREVPL LVSSFPGTPR120
HLPPPPFFP 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

- 25 (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

40 DGDPMASVNL FTLDIEGQCV ERDPLDLLDA GQDKDTPSSH HDWGASAEPG DHHGLIWATS 60
EKHSGSGWSFR DAGGSPAGVS GRAGSRRDLG AGQGPLADQL SWELAPSRVP HPAAPRCC 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

- 50 (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

10 WPSGGPLTSP GQCGSQPPS SPATSDRRPP TSPCSAPGFL PVARVGVGKV WWGSHEVRGK 60
AEREGRALSE MLLPFQGGKG GGGKCLGVPG KDESTRGTSL QARVEKTVAR RCLNVWERG 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

15 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

30 GRRTLFLATF GGYPGSLGCS LSGEANISLV SFFHPLNCKL RITQAHHSYR LGLASQSTLC60
PACHCKELL LCQPKQRKYG FSCIIFPGW FVF 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

35

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

NLIYPNSSMY SDTFSEKARI IGAVLSIKGK SSDHLHYNFL CLFSAGEEIH IYSTPHWTLQ60
NACIFCPSAI CSLPFCLLKE LSNIVFPKMF STGH 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

- 5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

20 GHMHILDRF CTAQLEWVPV TWTGVQYTIC VQYRKPSAV ARELYSNSLS AQANQVRKTA60
IWLEDFQETA VPVRGRYYLR GGRGTDIKQE GF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

- 25 (A) LÄNGE: 458 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

RGKRRRHRLP ALPPRLSPS AATMSASAVF ILQVKGKPLI SRNYKGDVAM SKIEHFMPLL 60
VHGEEGALA PLLSHGQVHF LQIKHSNLYL VATTSKNANA SLVYSFLYKT IEVFCEYFKE120
LEEESIRDNF VIVYELLDEL MDFGFPQTTD SKILQEYITQ QSNKLETGKS RVPPTVTNAV180
45 SWRSEGIKYK KNEVFIDVIE SVNLLVNANG SVLLSEIVGT IKLKVFLSGM PELRLGLNDR240
VLFELTGRSK NKSVELEDVK FHQCVRLSRF DNORTISFIP PDGDFELMSY RLSTQVKPLI300
WIESVIEKFS HSRVEIMVKA KGQFKKQSV NGVEISVPVP SDADSPRFKT SVGSAKYVPE360
RNVVIWSIKS FPGGKEYLMR AHFGLPSVEK EEVEGRPPIG VKFEIPYFTV SGIQVRYMKI420
IEKSGYQGPA LGFRYIHPEW AITNFRYQLG RGEEMGGF 458
50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

15

LVTKVGNRPL WVNVAKPQGR ALVTTFLNDL HVSDLDPRDG EVGDLKLPD GGPALHLFLF 60
HTGEAKVGSH QVLLAPRERL NTPNHDVSLR HILGAAHTGL ESGGVIAGY RHRYLHTVGH120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

20

- (A) LÄNGE: 246 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

GISNLTPMGG RPSTSSFSTL GRPKWARIKY SLPPGKDIL QITTFLSGTY LALPTLVNL 60
GESASLGTGT DISTPLATDC FLNCPLALTM ISTRLENWFS MTDSIQISGL TWVLRDYDMS120
SKSPSGGMKE MVRSLSKRES RTHWWNFTSS SSTDLFLLRP VSSKSTRSLR PSRSSGIPDR180
40 NTLSLMVPTI SLRRTLPLAL TSRLTDSMTS MKTSFFLYLI PSERQDTALV TVGGTRDLPV240
SSLLC 246

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

45

- (A) LÄNGE: 275 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

10 MNTRLQVEHP VTEMITGTDL VEWQLRIAAG EKIPLSQEEI TLQGHAFEAR IYAEDPSNNF 60
MPVAGPLVHL STPRADPSTR IETGVRQGDE VSVHYDPMIA KWVVWAADRQ AALTKLRYSL120
RQYNIVGLPT NIDFLLNLSG HPEFEAGNVH TDFIPQHHKQ LLLSRKAAAK ESLCQAALGL180
ILKEKAMTDT FTLQAHDQFS PFSSSSGRRL NISYTRNMTL KDGKNNVAIA VTYNHDGSYS240
MQIEDKTFQV LGNLYSEGDC TYLKCSVNGV ASKAK 275

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

15

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

SEVIILENTI YLFSKEGSIE IDIPVPKYLS SVSSQETQGG PLAPMTGTIE KVFVKAGDKV 60
KAGDSLMMVI AMKMEHTIKS PKDGTVKKVF YREGAQANRH TPLVEFEFEEEE SDKRESE 117

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

SLRFTSNSIN RTFQVSAVSL AVKITKDLES FIFNLHAIRP IMVIRYSYGY IVFTIFKSHV 60
SGIRDIOSSS TARRKWRELI MCLKSESVGH GFLLEDETQG CLA 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

- 5 (A) LÄNGE: 234 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

20 ADKMFLLPLP AAGRVVVRL AVRRFGSRL STADMTKGLV LGIYSKEKED DVPQFTSAGE 60
NFDKLLAGKL RETLNISGPP LKAGKTRTFY GLHQDFPSVV LVGLGKKAAG IDEQENWHEG120
KENIRAAVAA GCRQIQDLEL SSVEVDPCGD AQAAAEGAVL GLYEYDDLKQ KKKMAVSAKL180
YSGDQEAQW KGVLFASGQE LGHANLMGDA SQLRLTPTRF CRNYLRRFSK LVVS 234

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- 30 (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

45 LPILKIFSNN FGKIWLASIS IGWRLPSNWR AQVLAQQTG LLSARPPDPH FHRALPTQPS 60
SFFALGHRH RDQAPLPPQQ PERLHRDPPP QTRAPGLESA CTPLQQQL 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

- 50 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

10

CFLCLHASFP VRRFQLPFCR GOLAPRWGSP DADHKRFESS LPSEVVQICS KLSAFQLTI60
YQNSLLHL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

15

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

QVRRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60
RARTGSGKTA AYAI PMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLRDS LELLVVDEAD180
35 LLFSLWL 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

40 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

DIGHSDIPST VGSQLLNHGL CLPCQLLGRN KNKASHCLFY HRTCRLPMEQ QLQHRNSISG60
RLPGARAGPS QEVLPF 76

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

TGLCNISLS ACTSSLKVAD MRKALLKSGG KVTRGRLEL FFKAKGKKEG QLRPPPKAPG 60
SHEVSGCLAA SGLICEMGSL LPHLASPSAQ LSERLSLQQL RHWPLGHPEH SR 112
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

CHARLNTDSS RLAMKLLMVL MLAALLLHCY AD SGCKLLED MVEKTINSDI SIPEYKELLQ 60
45 EFIDSDAAAE AMGKFKQCFL NQSHRTLKNF GLMMHTVYDS IWCNMKSN 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
50 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

LVEETLLEFP HSLCSGITVY ELLKKLFVFR YRYVGIDGLF NHVLQEFAAR ICIAVQEEGR60
QHEDHQQLHG EAAAVCVQSC VA 82

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

LLFILHQMLS YTVCIISPKF FRVLCDWLRK HCLNFPIASA AASLSMNS 48

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

QAVGEKLSSR DSDLMEDRCF PHFSFSPKKV LLLSPFKQPV SLNFCGHGTD KDPVFS 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

- 5 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

20 IFVAMGQTRT PSSAELRKSP ATSLAIKLQP SHPTRASEEW PLLAGNPLQW AS 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

- 25 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

40 WPKMSQDFSL VQLKTGSLSV PWPQKFRLTG CLKGDRSRTF LGEKEKWGKQ RSSIRSESL60
ESFSPTA 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

- 45 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

GSSWAEDFKC DISVPKTSLL FAQSCRSMYF LLQYVPIYKF ISHTYNRAHV CTCTRTHTHS60
LSTR 64

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

SGPLLPAKNR EVAGLKTLSV TFQFLKHHCY LLKVVGLCIS FSNTSPFISL FPIHTTVHMC60
ARAHATHTH SQLV 74

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

ARIQTPEQHS QVTLFDYNEE MKMGGYLKIG IPSALKVSKL LTCEQHRTPL LWSSFQLRML60
QFSKSIYYS 69

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

- (A) LÄNGE: 236 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

QLRGGVQRHD RREGEMVCVE LVASDKTNTF QGVIFQGSIR YEALKKVYDN RVSVAARMAQ 60
KMSFGFYKYS NMEFVRMKGP QGKGHAEMAV SRVSTGDTAP CGTEEDSSPA SPMHERVTSF120
SRPPTPERNN RPAFFSPSLK RKVPRNRIAE MKKSHSANDS EEFFREDDGG ADLHNATNLR180
SRSLSGTGRS LVGSWLKLNK ADGNFLLYAH LTYVTLP LHR ILTDILEVRQ KPILMT 236

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

DEEVALGQRQ RGVLPGGRRW SRSAQCNPFA VSVPGHRTV PGRVLAEAEQ SRWKLPSLCT 60
LNLRHVAAAS DFNHRPGSSA EAHPPDLAAC GACAEPRPGP ALGVLPSAYL STATGVCDGT120
PVLEPQPGEA TRLPGPPTA RTPAQTEVPL TGPAGAASAL C 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

10 VCIEKEVSIC SVQLQPGPDQ GPSCARQGPR PQVGCIVQIG STVVLPEELL AVVGRVRLH 60
LSDPVPGLHP LEGWGEGRP VVPFWGGGSA EGGHPLVHGR SWAGVLSPT GGCVTCRHS120
DRHLGVALAL GALHAHKLHV AVLVEAKRHL LCHAGGHAHP VVIHLERLV ADGALKDDPL180
15 ERVGFVTS HQ LHTDLSFPT VMSLNTSSKL SIMKKMLG 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
20 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

35 YPQDPGGAS RRLDDLELC PGEKTAPVWA LSAEEEEAMH FSLAFFLHGS SVFLQITCCH 60
EFLCMRHISS CLYAEVPFIL SIGWWTGERG PRCPTSCASA VGGDRAPRHG GGGHLPVWVG120
GRRHPGTEGS LQR 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

40 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

5 RLPSVPGCLR PPQTCGRCPP PPCLGARSPP TALAHDVHGL GPLSPVHQPI ERMKGTSAYR60
HDEICLMHKN S 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

10 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

25 RGLQHTDMMK YASCIKIHDN MLFAKKQTNH AGKMPGKSAW QLPPQHSGPT QERFSPQDTA60
PSRPEASVMP LLAGPEGIRA PLLLTVDAAT HSMQH 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

30 (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

QKKKMSFRKV NIIILVLAVA LFLVLHNNF LSLSSLLRNE VTDGIVGPQ PIDFVPNALR 60
HAVDGRQEEI PVVIAASEDR LGGAIAAINS IQHNTRSNVI FYIVTLNNTA DHLRSWLNSD120
SLKSIRYKIV NFDPKLLEGK VKEDPDQGES MKPLTFARFY LPILGSQRQR KARLHGVDDV180
50 ICGRWDFLPF TLQQ 194

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

RFHGFPLVRI LLYFSFQKFR VKIDNFVSDA FQGITVEPGP EMVCCIVESN NVENHIGASV 60
VLNAVYSCNG PPKPVFRCSD DHRNLLLSPI YCMSESIWDK VYRLRPYNS 109

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

NLAKVKGFMD SPWSGSSFTF PSKSLGSKLT ILYLMLFRES LLSQDRRWSA VLLRVTM 57

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

- (A) LÄNGE: 230 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

LPAATNRLKR GKGSSTGSSS GNHGGSGGGN GHKPGCEKPG NEARGSGKSG IQGFRGQGV 60
SNMREISKEG NRLLGGSGDN YRGQGSSWGS GGGDAVGGVN TVNSETSPGM FNFDTFWKNF120
KSKLGFINWD AINKNQVPPP STRALLYFSR LWEDFKQNTF FLNWKAIIEG ADASSLQKRA180
GRAESELQLQ PACVSHCLWW EVLSQDPCKG GESHLPLRLP GCNLGLLAVG 230

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

TRTRSPPAP EPSSTSADSG RISNRTLSS TGKQLLRVRT RHHCRNVQAE PSQNYNYNQH 60
AYPTAYGGKY SVKTPAKGGS LTFFLGFGA TWACLQLGEV LVRQFLATNH RRPRKKHWVR120
QGKLLPPLGP PALWQAPGPG L 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

(A) LÄNGE: 165 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

RVRTLNNCFP VEERSVLFEI LPESAEVEEG SGAGGRDLVL VYGIPVDETQ LGFKILPESV 60
KVKHPRRLR VHSIDSTNSV TSSTAPARPL PPIIVSRASK EAIALFAYFP HVAGNSLSSE120
ALNPRFPAPA GFIPWLFTPG FMSISSAAPT VVAGGGAGAG SLPPL 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

- 5 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

20 ERSHLQPGAV GITESPILGL GSAMTTEIGW WKLTFLRKKK STPKVLYEIP DTYAQTEGDA 60
EPPRPDAGGP NSDFNTRLEK IVDKSTKGKH VKVSNNGRFK EKKKVRATLA ENPNLFDDHE120
EGRSSK 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- 25 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

40 YVLNTIIVGK GEEKIPHPLP RFGPCSFPLR VCDLPSAKVM AKTGTNRPNY HQSSLLQHPN 60
RVPGSSVPSA PEGKVPGLL PVLGGELKFS VSASGSTETS PYHVASGKCA LLRIGPGSSH120
R 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

- 50 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

TRVPLYVVRG RVEDPGISQA LQKWRHINTN LKNSHFLPAG INWPHSFSYG QRGQRGKVL60
QIWLMAQSQE VLA PSSALHF DDRPSS 86

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

GSGSPAPRKL HDFALCSAPL CPLFPRET SR SHIFLTD FEA VCLHSDWEHW DHFHADSGG60
NGCIPFHDPT CVY 73

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

FVAMCSKQAS LNHGLLGLTL VFLGPLNRHR SGHGKGYIHY HHCRRHDENDP SVPNQNNRQ 60
LQNQSRKCGI WKSLLERGGG GELSRGRNRA VYAE LGTPSL RARGGR 106

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

VLRWYSSDPS IDTGRVMERD TSITTTVGMM KMIPVFPIRM QTDSFKISQE NVGSGSLSWK60
EGAEGS 66

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

GCACFRPPSP AGGARTSAGR SPSSADVGSR TQSRSRRAA HSRCCVAFPS SFTPRSRRRP 60
45 KRRRRRREND PAASSLPPAH LPCSVSQSAA GARLVLRPRA CGAQAQRP 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

- 50 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

GAPAFALLLQ REGRLPRGG VRLVLTAAE PKVDRGGGLH IPVVALRFLP LSLRAHGGGQ 60
SGGDGGARTT RRPVLFLLRT CPARVSRRP APGLCSDLAL AAPRPSGRS 109

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

IEAAGCTFPL LRCVSFLFHS ALTAAAKAAA TAARERPGGQ FSSSCAPALL GQSVGGRRPA 60
CAQTSRLRRP GPAVASVWP ENLGAPAARA PRAEPRSGSR GGRRVSESEG WPGQVVAPRR120
35 WSPSKGSVWP TRSTARTSPS AATSPRPREM PPKRRRL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

40 (A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

SSAQGEPEGP GRRLRAPTE SRSEGKSMFA GVPTMRESSP KQYMLGGRV LLVLMFMTLL 60
HFDASFFSIV QNIVGTALMI LVAIGFKTKL AALTIVVWLF AINVYFNAFW TIPVYKPMHD120
5 FLKYDFFQTM SVIGGLLLVV ALGPGGVSM D EKKKEW 156

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

10 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

25 LGACSWWWPW ALGVSPWMRR RRSNGSHRSL PAWLRPVAVK DWFGVDSTKL PAFMYPLPFP 60
SLGKGTDLVR TLFAETPENR WLSLLWSHSL ASDPSVQASL AAGSLPHAEA LE 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

30 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

45 SQRVCKYSPG SLLPYPRILV RSSNGFRTWV LFSCDHSSAH CMKTGLSQCF NLTRAVSWST 60
PRSLVPYDS PHQMTLAKSR FLCGQGWLD WVKVGWTKGG HVSSQHGFCT SSASVLVGVP120
VSPGPGWARA 130

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

15 GTSGTSHLHP RSICMIQKYN HDGEAGRLEA FSQGESVLKE PKYQEELEDR LHFYVEECDY 60
LQGFQILCDL HDGFSGVGAK AAELLQDEYS GRGIITWGLL PGPYHRGEAQ RNIYRLNNTA120
FGLVHLTAHS SLVCPLSLGG SLGLRPEPPV SFPYLHYDAT LPFHCSAILA TALDVTVPY180
RLCSPVSMV HLAADMLSCG KKVVTAGAI PFPLAPGQSL PDSLMQFGGA TPWTPLCACG240
EPGTRCFAQ SVVLRGYRQS MPHKPQT 267

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

40 QVARVAGPGS HPRTRGRQES CEQSGARDQK LCLIDDRCF S GPPHDGRDQV AGPRLLFPAL 60
NIHLVAALPP SRLPQRSHRA GHTGSGSPAS SHIPPRNAA CPPALPGTWV PLGHFPLG 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 273:

LGKATCSRRL PTCTQWGPWG GSSKLHQGIR KGLAWSQGER DDCSCCHHLF PTEAQHVSQM 60
NHGNWRGTQA IRNSDCVQGC SQDGTAVEGQ SGIIMQVREA DRWLGSQAQA PTQGQGADKR120
AVSSQVHETK SCV 133

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

15 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

30 PQAWRRLCRC CSARPVAPGA RRLVPCRTPT RQPAGGTCHH PAAFRGRSRH IPVPHALGFG 60
ASAGRSVPLQ ALSQSPGAAD LQVFSTGAAP VIHTRLLEDP ILGATLPAGP IRCRAVGLVP120
RHCH 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

35

(A) LÄNGE: 426 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

GSSRRHGGGY AAVALLVLLL LGPGGWCLAE PPRDSLREEL VITPLPSGDV AATFQFRTRW 60
DSELQREGVS HYRLFPAKLG QLISKYSLRE LHLSFTQGFV RTRYWGPPFL QAPSGAELWV120
WFQDTVTDVD KSWKELSNVL SGIFCASLNF IDSTNTVTPT ASFKPLGLAN DTDHYFLRYA180

VLPREVVCTE NLTPWKKLLP CSSKAGLSVL LKADRLFHTS YHSQAVHIRP VCRNARCTSI240
SWELRQTLVS VFDAFITGQG KKDWSLFRMF SRTLTEPCPL ASESRYVVDI TTYNQDNETL300
EVHPPPTTTY QDVILGTRKT YAIYDLLDTA MINNSRNLNI QLKWKRPPEE EAPPVPFLHA360
QRYVSGYGLQ KGELSTLLYN THPYRAFPVL LLDTVPWYLR LLHPLPACPG PAATPPPGDA420
5 DSAAGQ 426

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

10 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

25 SPSILYGSCT CHSHKAFGGP DTGGHPSCR P HQVQSCGSGS KTLSLMWINL GRSSVMSSQG 60
SSAPLSTSST PPTQSLPLPP SNPWWPMTL TTTFCAMLCC RGRWSAPKTS PPGRSSCPVV120
PRQASLCC 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

30 (A) LÄNGE: 481 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

AQDTGGPGRQ SGHGGDLQIP ISLFLRRRLNT QHWRPGSRKV MAVVPASLSG QDVGSFAYLT 60
IKDRIPQILT KVIDTLHRHK SEFFEKHGEE GVEAEKKAIS LLSKLRNELQ TDKPFIPLVE120
KFVDTDIWNQ YLEYQQSLN ESDGKSRWFY SPWLLVECYM YRRIHEAIIQ SPPIDYFDVF180
50 KESKEQNFYQ SQESIALLCT HLQQLIRTIE DLDENQLKDE FFKLLQISLW GNKCDLSLSG240
GESSQNTNV LNSLEDLKPF ILLNDMEHLW SLLSNCKKTR EKASATRVYI VLDNSGFELV300
TDLILADFL LKSELATEVHF YGKTIPWFVS DTTIHDFNWL IEQVKHSNHK WMSKCGADWE360
EYIKMGKWVY HNHIFWTLPH EYCAMPQVAP DLYAELQKAH LILFKGDLNY RKLTDGRKWE420
FSVPFHQALN GFHPAPLCTI RTLKAEIQVG LQPGQGEQLL ASEPSWWTG KYGIFQYDGP480
55 L 481

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

- 5 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

20 FTHISVSTNFS TKGINGLSVC NSFRNLERRE IAFFSASTPS SPCFSKNSLL CRCNVSITLV 60
KICGILSLIV RYANDPTSCP ERDAGTTAIT FRDPGRQCWV FNRRRNREIG ICKSPPCPDC120
RPGPPVSC 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

- 25 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

40 ELLNQVKGDH RTEIFHIFQW STSWAQRPGA VPLAQAADQP EFQLLMFLWY RVVQDGSSE60
PDEMEQKTPI FCHLSTSCNS NHP 83

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

- 50 (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

10

FYDRRDCFVA VSFLRGLSLW LHFYLWWLCY GGAEMRQKRK GDLSPAELMM LTIGDVIKQL 60
IEAHEQGKDI DLNKVKTAKTA AKYGLSAQPR LVDIIAAVPP QYRKVLMPKL KAKPIRTASG120
IAVVAVMCKP HRCPHISFTG NICVYCPGGP DSDFEYSTQS YTGYEQPP 168

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

GGTAAMISTR RGWAERPyla AVLVTFLFRS MSFPCSWASI SCLITSPIVS IISSAGLRSP60
FRFCLISAPP 70

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

IDVFPLLVG F NQLFNNISYS QHHQLSRAEI SFPLLPHFCA AVAEPPEIKM QPQTQTTEKA60
DSHKTIPPVV K 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

5

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

KPRQLPNMAF LPSPAWISL LAVPPQYRKV LMPKLKAKPI RTASGIAVVA VMCKPHRCPH 60
ISFTGNICVY CPGWDLILIL SIPPSLTLY EPTSMRSYSV PDMDPPFYRT RTPD 114

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

WVSPLTWASR PCDTEEGRQA MISTRGWAE RPYLAÄVLVF TLFRSMSFPC SWASISCLIT 60
SPIVSIISSA GLRSPDYGGF TTRPGSNILG SRVGHYTHQT MEDSPPDQEA TAWAPELATP120
PCTDEDR 127

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

PHTTNPTCFK LFLIRCPCPV RKRVIWHGI APHGGWLIAQ CKTGWNTQNG NQVPPRAVYT60
YISCKTDVWT SVGFAHSHD SNPTSSSDGF RL 92

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

DLSRPGGTRF VLTIQQTFFS KVFVQDNFKN NIKINNGFDF SLKIEKKGVG GGVNHWPF60
WRGPIGIVRP WGSGLS 76

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

RTFVLFYHRL TLQLLINTSF GDVWCKTHKH TQKSTSPLHD PSLLSGTISA ASCTLLGPPP60
IHRGFRGTQI TAGFQFFFN TFLWSVPTAL SVLLKLE 97

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

ILHLEMYGVK HTNTHKKAQA RCMTRL SFLG LFLLRPAPSW AHLRFTEVSG GPKSLLVFN60
FLTIHFCGQF QQHCPYF 77

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

45 ILIDGVRAAF IPYREYNGAR LSRDFISA

28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

HQFHNYFNLL GFHLLILKF HQQWGTEK

28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

15

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

APGPQAILII NLNRWGKSL HPIQRIQWC

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

35

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

AEIKSLLSLA PLYSLYGMKA ALTPSIKIYY

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

- 5 (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

20 AMKVL SFLLC IRISFLVVE SIVRGISKLN EVN

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

- 25 (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

40 AINKVSSGYG PLALLGFSVS VEAAQRISLN FSQKWLLT

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

- 45 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

FTSFNLLIPR TILSTTNRNE ILIHKRKLKT FIAYVGLSNK

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

10

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

VNLLKYGQIH LAVKQLNIHC YLIKVFVSVL PGPNIKTTSV QKINVQRAVC SLFWYVHFKK60
TPLSSLANQE Y 71

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

RFYLYFILSR GTNSRHTFAR PSCRKTQSRK GKNKIAIKYM VLGAGRTRNP QGDQFLARSF60
FRVYPVE 67

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

15 KNLEFFSPST SYLLLQNSSE GFYIILSYPE GPTAGIPLPG LLAERHRAVK AKIKLO 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

20 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

35 TPNSRGAGRV VRGSARGVGR SCASWLPVGR RCRTSETGSG ASRRSRAIGS PPPSPCPWSA 60
NSASSARPTS SSGPKPSFIA FRGGQSLPP FISLWVQELD FFIWSIYISY ISILRDLKQE120
LLMGGQQTIIY SCSSLTGFAS 140

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

(A) LÄNGE: 279 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

5 QSRSPRREG VGTGSRAVLC ILATCGSKMS DIGDWFRSIP AITRYWFAAT VAVPLVGKLG 60
LISPAYLFLW PEAFLYRFQI WRPITATFYF PVGPGTGFLY LVNLYFLYQY STRLETGAFD120
GRPADYLFML LFNWICIVIT GLAMDMQLLM IPLIMSVLYV WAQLNRDMIV SFWFGTRFKA180
CYLPWVILGF NYIIGGSVIN ELIGNLVGHL YFFLMFRYPM DLGGRNFLST PQFLYRWLPS240
RRGGVSGFGV PPASMRRAAD QNGGGGRHNW GQGFR LGDQ 279

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

30 IDQIKKSSSW THREIKGGSD WPPNLKAIKE GFGPEEEVGR ADEAEFADQG HGDGGGGEPIA 60
RDRRDAPEPV SDVRHLRPTG SQDAQDRPTP RADPLTTRPA PRL LGV 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

(A) LÄNGE: 207 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

50 LEPLEPNRLE LKKGYLTLSD SGDKVAWEWD KDGVLESHL AEKGRGMELS DLIVFNGKLY 60
SVDDRTGVVY QIEGSKAVPW VILSDGDGTV EKGFKAEWLA VKDERLYVGG LGKEWTTTGT120
DVVNENPEWV KVVGYKGSVD HENWVSNYNA LRAAAGIQPP GNLIHESACW SDTLQRWFFL180
PRRASQERY S EEGRR AQGRQ PAAERLP 207

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- 5 (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

20 RWWATRAAWT TRTGCPTTTP CGLLPASSRQ VTSSMSLPAG VTRCSAGSSC RAAPARSATA 60
RKDDDERKGAN LLLSASPDPFG DIAVSHVGAV VPTHGFSSEK FIPNTDDQII VALKSEEDSG120
RVASYIMAFT LDGRFLLPET KIGSVKYEGI EFI 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- 25 (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

45 VGTAPTWT AMSPKSGEAL SSRLAPLRSS SFLAVALLAG AARQEEPALQ RVTPAGRLMD 60
EVTWRDAGS SPQGVVVGHP VLVVHAALVA HHLHPLRVLV HHITRSGRPL LAQAAHVQTL120
VLHCQPFGLA AFLHGAVAVG QNHGPGHFAA FDLVDDPRPV IHGVEFPIEN NQVG 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- 50 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

KLVCLEADSK SSFSSEHLFS YHLISILKHH GCSCSKMGDV KENYLETFIS SPKWSFILCL60
S 61

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

NTMAVAAVKW VMSKRTILKH LFPVQNGALY CVCHKSTYSP LPDDYNCNVE LALTS DGRTI 60
VCYHPSVDIP YEHTKPIPRP DPVHNNEETH DQVLKTRLEE KVEHLEEGPM IEQLSKMFFT120
35 TKHRWYPHGR YHRCRKNLNP PKDR 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

40 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

IHQTAFSQMA NEAHFSLIPP GTSASSVFWR IQILTTVIP SMRIPTVLSS KEHFAKLFYH 60
RSFLKVFNF FQSGFQHLIM CFFIIMHRIW PRDRFCVFIW NVHRRVVAYY CPAIRSQSKL120
YVAIIIVW 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 308:

(A) LÄNGE: 467 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

SRSKMAALRA LCGFRGVAAQ VLRPGAGVRL PIQPSRGVRQ WQPDVEWAQQ FGGAVMYPSK 60
ETAHWKPPPW NDVDPPKDTI VKNITLNFGP QHPAAHGVLRL LVMELSGEMV RKCDPHIGLL120
HRGTEKLEIY KTYLQALPYF DRLDYVSMCM NEQAYSLAVE KLLNIRPPPR AQWIRVLFGE180
ITRLNLHIMA VTTHALDLGA MTPFFWLFEE REKMFEFYER VSGARMHAAY IRPGGVHQDL240
PLGLMDDIYQ FSKNFSRLRD ELEELLTNNR IWRNRTIDIG VVTAEALNY GFSGVMLRGS300
GIQWDLRKTQ PYDVYDQVEF DVPVGSRGDC YDRYLCRVEE MRQSLRIIAQ CLNKMPPGEI360
KVDDAKVSPP KRAEMKTSME SLIHHFKLYT EGYQVPPGAT YTAIEAPKGE FGVYLVSDGS420
SRPYRCKIKA PGFAHLAAGLD KMSKGHMLAD VVAIIGTQDI VFGEVDR 467

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 309:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

QPSVHEHTHT HTHHTHTHTQR PISSEEQAPQ KKLIGRGDQT LLPCSPIYFS KYNILGTYDG 60
NDICQHVSLR HLVQTSQMGK TRSLDLASIR AAAAIRHQVH PKLSLGSLSNG SICGSWRNVL120
ALSIQLKVMN Q 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 310:

- 5 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

20 SQDTMRCWVL GPKVQGNVLH NCVLWRVHII PRWRLPVGCF FAWVHNSSPK LLCPFHIWLP 60
LPNTSAGLNR QSDSSPRPQH LGRDAPEAAQ SPQRRHLTPA 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 311:

- 25 (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

40 RRLRGGEPT DRRRDPEST PAPPPTPRAM DPKDRKKIQF SVPAPPSQLD PRQVEMIRRR 60
RPTPAMLFRL SEHSSPEEEA SPHQRASGEG HHLKSKRPNP CAYTPPSLKA VQRIAESHLQ120
SISNLNENQA SEEDELGEL RELGYPREED EEEEEDAARL KS 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 312:

- 45 (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

10 VSLGRNLSAL PPLSLAHRHP ACISQEEVEG TSLFPRNPLY PHPVLCSSPR LLGLRLLTSR 60
RLRLVCVCLF AHLWLIPREP GHLLPDAHPC QSFLHSPSGR WDVRQPTLEN PENREQGFAL120
HNSTPQILSP GHRRPTGQDP KIWGKEVLRT LRYR 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 313:

15 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

30 AQGLGLFDLR WCPSPEALWW GEASSSGEEC SESRNSMAGV GLLRRIISTW RGSSWLGGAG 60
TENWIFLRSL GSMARGVGGG AGVRDSGSRR RSVLGSPPRR R 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 314:

35

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

SDRWTCSPPL GARSMSRFPA VAGRAPRRQE EGRSRDLQE ERLSAVCIAD REEKGCTSQE 60
GGTTPTTFPIQ KQRKKIIQAV RDNSFLIVTG NTGSGKTTQL PKLYEAGFS QHGMIGVTQP120
RKVA AISVAQ RVAEEMKCTL GSKVG YQVRF DDCSSKETAI KY 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 315:

- 5 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

20 QIGGRARLHS GPGLCPGFPQ SRAGRQGRR RVSGQETSRK SGSRLFASPI EKRKDARPRR60
EELLQLFLFR NKEKRLFKL 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 316:

- 25 (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

40 IGKVGVPVPPS WDVHPFSSLS AMQTAESRSS WRSLDRSPSS CRLGALPATA GNRDIDLAPS60
GGEHVHRSE 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 317:

- 45 (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

10 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLO TSSQAAFYQK120
GENSCLSFLK NAFLYLSIRH YTSELYKRPG GTMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 318:

15

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKHFL60
KRKGMSFPLF DKKQPVMSKG AQERWVSHLE AFRTQL 96

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 319:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
RDLLLLLARIQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 320:

5

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

IRKREQGRSS PAPWESVFAS VPFRGDDGIF DDNFIEERKQ GLEQFINKVA GHPLAQNERC60
LHMFLQDEII DKSYPSPKIR HA 82

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 321:

- (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

RASPCPHGGQ QRRRRRLNAE GAEGARGGGS SYSEMAETVA DTRRLITKPQ NLNDAYGPPS 60
45 NFLEIDVSNP QTVGVGRGRF TTYEIRVKTN LPIFKLKEST VRRYSDFEW LRSELERESK120
VVVPPLPGKA FLRQFLLEEM MEYLMTILLR KENKGWSSL 159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 322:

50

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

FTSQPFKVTV SSSNSRFFQL ENRKICLDPD FVSGEAAPAD PHRLRVAHID LEEVAGGSVG 60
VIQVLR LGDQ PPGVSHGLRH FAVAAAAAAG SLRPLRVQPP PPPLPAVGT RARA 114

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 323:

(A) LÄNGE: 374 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

35

RRAQESPLGR QSHLPRIYQA FLMSATFNE VQALKELILH NPVTLKLQES QLP GPDQLQQ 60
FQVVCETEED KFLLLYALLK LSLIRGKSL FVNTLERSYR LRLFLEQFSI PTCVLNGELP120
LRSRCHIISQ FNQGFYDCVI ATDAEVLGAP VKGKRRGRGP KGDKASDPEA GVARGIDFHH180
VSAVLNFDLP PTPEAYIHRA GRTARANNPG IVLTFVLPTE QFHLGKIEEL LSGENRGPI1240
LPYQFRMEEI EGFYRRCRDA MRSVTQKQAIR EARLKEIKEE LLHSEKLKTY FEDNPRDLQL300
LRHDLPLHPA VVKPHLGHPV DYLVPPALRG LVRPHKKRKK LSSSCRKAKR AKSQNPLRSF360
KHKGKKFRPT AKPS 374

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 324:

(A) LÄNGE: 224 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

QRVRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRLL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60
RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLKRD LELLVVDEAD180
LLFSFGFEEE LKSLLEWGRV TCPGFTRLFS CQLLLTRTYK HSRS 224

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 325:

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

FFFFFFFFFG AAKIFILLSR GKMPAWKCQG AKGPSTAGPR TVCSGCAVST RASPVHEGCK 60
PVLHNVLSR EAQQPQEGLA VGLNFFPLCL KLRSGFWDFA LLAFLQEEDS FFRFL 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 326:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

YLQCQRSLCG AKCVTWAVET RHLLSPALMT LRKEDVIQ GK FLIPKLPVHV NRTSFYSSRC60
TGSLAP 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 327:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

FRSCLFMLTG LLFIRQDVLV PWHLKGNPDK GKPVEPFGPI GSQDPSPVFH RYYHVFREGE60
LEGACRTVSD VRILQSYDQ GNWCVILQKA 90

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 328:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

SGLLKNHTPV SLIVVALQNS DITHSPAGTF QFSLTEHMOV TMKHRTWVLG SYGTKWLNRF60
AFIRISLKVP GNQYILTNNK KSC 83

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 329:

- (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

ERRSKSREER EKEREREREE RERKRRREEE EREKERARDR ERRKRSRSRS RHSSRTSDRR 60
CSRSRDHKRS RSRERRRSRS RDRRRSRSHD RSEKHSRSRS RDRRRSKSRD RKSYPKHSKS120
RDREQDRKSK EKEKRGSDDK KSSVKSGSRE KQSEDNTES KESDTKNEVN GTSEDIKSEG180
DTQSN 185

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 330:

(A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

YHFPSIQCLC LHS AFLDYRT SHYFFYHQIP SFLSPWIFYL VLCPDFCSCA YMTFDPGFLI 60
FFDPDFEICV FFLIDHGFCF FVDLYFCSAF FLYFVTFCGP ETCCIFCLMF GLSVYFVNDF120
SFFFLCHEPF LFLFLPLPFV FSFLFLPFLS PVLSLSL LCS CFSFLRRSSR IRLFGSSP 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 331:

(A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

VSPS DLMSSL VPLTSFLVSL SFDSVFVSSL CFSRLPDFTL LFLSSDPLFS FSLDFLSCSL 60

SRLLLCLYD FRSRLFDLLR SRLRDLCLFS DRSWLLLLRR SLLLRLLSL LRDLLWSRDL120
LHLLSDVRLE CLLRERLLFL LSLSRALSFS LSSSLRLFL SLSSLSLRS FSLSSLLLLL180
LS 182

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 332:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

25 GFGMQLVILR VTIFLPWCFA VPPVPAADHK GWDFVEGYFH QFFLTEKESP LLTQETQTQL60
LQQFHRNGTD LLDQMOMHASA TAAPLWGA 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 333:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
30 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

45 PRRSRHSLPR RHKHSSCNNS IGMQTYLTC RCMLLLQQPH CGVPDGSNDNC ISPGRCWKWIK60
H 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 334:

- 50 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5¹

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

STCIFLARCS CRTHQAPHSG AAVAEACICM SSRSVPFRWN CCRSCVCVSW VRSGDSFSVR60
KN 62

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 335:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

35

VCPIPMELLQ ELCLCLLGKE WRLLLGQEKI MEIALNKVPS FMVCSRGHWN GETPGQEDSN60
S 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 336:

40

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

AEDTIQKRNS QFETVTPPAP NCGDEERKQW LWFLSEGRRLR TERSNHQGHR FWKSSRGGWL60
EEQ 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 337:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

KGWRSDFTVG GRQRDQGHVQ TGSFFSISLL SKSRTAQWLC QGGSSSYSHF SGSLKSTRYY60
RGSRS 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 338:

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

SCGDVEQKIQ FKRETASLKL LPHQPRIVEM KKGSNGYGFY LRAGSEQKGQ IIKDIDSGSP 60
AEEAGLKNND LVVAVNGESV ETLDHDSVVE MIRKGGDQTS LLVVDKETDN MYRLAHFSPF120
LYYQSQELPN GSVKEAPAPT PTSLEVSSPP DTTEEVDHKP KLCRLAKGEN GYGPHLNAIR180
GLPGSFIKEV QKGGPADLAG LEDEDVIEV NGVNVLEPY EKVDRIQSS GKNVTLLVCG240
KKAYDYFQA 249

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 339:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

ITGVQPEHIQ YLKNYFHLWT RQLAHYHYH IHGPKGNEIR TSKEVEPFNN IDIEISMFEK60
GKVPKIV 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 340:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

RIFITTIFMA QKEMKYEHO KLNLSLIL KFLCLKKGRY LRLS

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 341:

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

KVQLLLMFVF HFLLGHEYSS DKYALTVVSK GGNNFSSTVC VLVVPL

46

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 342:

(A) LÄNGE: 237 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342:

25 GRWRRRLRHG RGSAAVAVGPT AMAELLQEEL SVLAAIFCRP HEWEVLSRSE TDGTVFRIHT 60
KAEGFMDADI PLELVFHLVP NYPSCLPGIS INSEQLTRAQ CVTVKEKLE QAESLLSEPM120
VHELVLWIIQ NLRHILSQPE TGSGSEKCTF STSTMDDDL WITLLHLDHM RAKTKYVKIV180
EKWASDLRLT GRMFMGKII LDFTTGRQKQ PQGVLDSSN LQSRCGLKWK EMQREND 237

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 343:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343:

YLILLQGRN NLKVYLILQK TSKVDVDSSG KCKCEKMISV LFETKVQTEH KRFLAFEVKE60
YSALDELQKE FETAGLKKLF SEFVLALVK 89

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 344:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344:

15

PLPKSNAKTT KNTAILLKDS CLPFHFTRAS TNSEKSFSLSP AVSNSFCNSS NAEYSLTSNA60
RNLLCSVCTF VSNSTLIIFS LHFFPLESTS TLEVF 95

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

RAGLFPGRRV GLEAENGPCG HQHGDFVPCP VLSARMSQPE AEEAALVAHA VGHDCVCSGG60
GVLLPHHRRN NL 72

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 346:

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren
45 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

GRACFRGGAW GLRPTALAA TNMETLYRVP FLVLECPNLK LKKPPWLHMP SAMTVYALVV 60
VSYFLITGGI IYDVIVEPPS VGSMTDEHGH QRPVAFLAYR VNGQYIMEGL ASSFLFTMGG120
LGFIILDRSN APNIPKLNRF LLLFIGFVCV LLSFFMARVF MRMKLPGYLM G 171

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 347:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

EAGCKSFHNI LSIYSVGQES YWPLMPMFIS HRTDTWRFNN NIINYSSGDE EVRHHHQSIH60
30 SHGRRHVQPG RLLQLQVGTF EH 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 348:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
35 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

50 HKVIVVWNNI GEKAPDELWN SLGPHPIPVI FKQQTANRMR NRLQVFPELE TNAVLMVDDD 60
TLISTPDLVF AFSVWQQFPD QIVGICFLES TSFTFIQGIY SYW 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 349:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

ESKNKVGAD ECVIIYHQC IGFQFRKDLE SISHPVCCLL FEDHRDRVGP

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 350:

20

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

SGNCCQTEKA KTRSGVLMSV SSSTINTALV SSSGKTWSRF LILFAVCCLK ITGIGWGPRE60
FHNSSGAFSP ILFHTTITL

79

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 351:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

5 GTLRHSVHV PPKHGHHKVL SSGVCSRLLG IQREGRNQEF QKHIHVATPA TSGILCSDKL60
HGWEVFFLAR 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 352:

- 10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

25 HLIPFMAKSS FRVNTQTFC ACCSPKAWSS QSPEFWCVLP PPGYTERRQE SGVPEAYTCG60
YPSNKRHPVL R 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 353:

- 30 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

45 SGQCGMQLGP DQPSSEQMAV VPISTKPQRA RKNTSQPCSL SEHRMPLVAG VATCICFWNS60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 354:

- 50 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

15 GLPARRPQCF LRAEMANSGL QLLGFSMALL GWVGLVACTA IPQWQMSSYA GDNIITAQAM 60
YKGLWMDCVT QSTGMMSCMK YDSVLALSAA LQATRALMVV SLVLGFLAMF VATMGMKCTR120
CGGDDKVKKA RIAMGGGIIF IVAGLAALVA CSWYGHQIVT DFYNPLIPTN IKYEFGPAIF180
IGWAGSALVI LGGALLSCSC PGNESKAGYR APRSYPKSNS SKEYV 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 355:

20

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

QHHHGPGHVQ GAVDGLRHA E HGDELQNV R LGARPVRGLA GHSSPNGGLP GAGLPGHVCG 60
HDGHEVHALW GRRQSEEGPY SHGWRHNFHR GRSCRLGSL L LVWPSDCHRL L 111

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 356:

(A) LÄNGE: 154 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

5 CCHPHRSSSA TAGWRCRPPD PPSPAGPWRS PATAGPNWPF PPSNTGGAG RGDPTVKQTT 60
LGGQPHKRKL EVEFSGHPKR QKGFGECK SCHQTHKST PPVKRWPRGT GSRIRREGGS120
RQNWWSKAR RFPFGALGP LSPPASRLLT GVGP 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 357:

10

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

NLTQVTFLFF CPPNVHASR LHFEALMNIP VLVLDVNDFF AEEVTKQEDL MREVGRTLTP60
VFLVSLWLY LL 72

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 358:

- (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

50 SPSHLSHEVF LFGYFLSKII IDIQHQHWNV HQSLKVEPIR SVNWVGTEKK KCNLSQVSHT60
RQVLLREQI 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 360:

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

15 KRYNQRETR KTGKVLPTS LMRSSCLVTS SAKSSLTSNT STGMFIRASK WSL 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 361:

20 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

35 SCWETKWTSC PRMLLATGRG CGSDCGRTVP APGSCWPLAP RATAPRQGRA TGRGESESAE 60
LVPHSGQGRA ADQRQDLWS GRVDLCPSAL LALPWGRLLS GRHQRRQIHS L 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 362:

40 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

5 TRNGSVFGCY RPHRFPAKGS VSLVYSRGFQ HPPCAYHLLG QGRRSVSEAC RSYVTPDSNG 60
WKRTNGQDFL LLLLKTLMVK RKDWGQPGSS GPTSKFPLQV ILCQALFKK 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 363:

10 (A) LÄNGE: 381 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

25 GPARRPAARL ARAGGPQAAD RAGKQSGPPA PGCSWLPAEA AGATVGGLCP RRAPAGPWHQ 60
GPQRPVKDEP QDGENPNPPN WSRTVVRDVR LISAKTGYGV EELISALQRS WRYRGDVYLV120
GATNAGKSTL FNTLLESYD TAKGSEAIDR ATISPWPGTT LNLLKFPICN PTPYRMFKRH180
30 QRLKKDSTQA EEDLSEQEQN QLNVLKKHGY VVGRVGRFTL YSEEQKDNIP FEFDADSLAF240
DMENDPVMGT HKSTKQVELT AQDVKDAHWF YDTPGITKEN CILNLLTEKE VNIVLPTQSI300
VPRTFVLKPG MVLFLGAIGR IDFLQGNQSA WFTVVASNIL PVHITSLDRA DALYQKHAGH360
TLLQIPMGKK ERMGRISSSC C 381

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 364:

(A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

QPSTTCTSVL VCLLSAMPLP VALQTRLAKR GILKHLEPEP EEEIIAEDYD DDPVDYEATR 60
LEGLPPSWYK VFDPSGLPY YWNADTDLVS WLSPHDPNSV VTKSAKKLRS SNADAEKLD120
55 RSHDKSDRGH DKSDRSHEKL DRGHDKSDRG HDKSDRDRER GYDKSRNGIR DRGYDQADRE180

EG

182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 365:

5

- (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

RRHERDGRCD SLPLPARVYW SVCYQLCRCP LRCRPAWPRE ASSNIWSLNQ RKRSLPRTMT 60
MILWTTTRPPG WRAYHQAGTR CSTLPAGSLT TGMQTQTLYP GSPHMTPTPW LPNRPRSSEA120
VMQMLKKS WT GAMTSRTGAM TSRTAAMRN 149

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 366:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

PRSRSLSDLS WPRSDLSWPL SSFSWLRS DL SWPLSDLSWL RSNFSSASAL LLLSFLADLV60
TTELGSCGES QDTRSVSAFQ 80

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 367:

- (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

VAQQPALIHG YRKAVLTPNH VEF SRLYDAV LRGPMDSDDS HGSVLRLSQA LGNVTVVQKG 60
ERDILSNGQQ VLVCSQEGSS RRCGGQGDLL SGSLGVLVHW ALLAGPQKTN GSSPLLVAAF120
GACSLTRQCN HQAFQKHGRS TTTSDMIAEV GAAFSKLFET 160

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 368:

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

35

ILNGNQFMLK LKIWQAPYAF STRVGPDPFI THTLSPVQGA CLLVCAGSG FKELAEAGGPH 60
LGDHVGGGGG ATVLLEGLVV ALPGERAGAK RGHQERAGPI CFLWSSKERP VYQDAQGARQ120
EVPLPSTPAA AAFLAAHKHL LAVGEDVALS FLDHRHVAQG LAES 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 369:

40

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

5 KSGKHRTPSA HAWVRIFPSH TRSPPSKVPV YFWSARAQVS KSLKAAPTS AIMSEVVVER 60
PCFWKAWWLH CLVREQAPNA ATRRGLDPFV FCGPARSAQC TRTPREPDRR SPCPPHLRLL120
PSWLHTSTCW PLERMSRSPF WTTVTLPRAW LSLSTDPWLS SLSIGPLSTA SYSLNSTWL180
GVSTAFR 187

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 370:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

LFLFTNHNDG GKPGCKHQHC HQLRICDQEC HLTVTGRRQK 40

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 371:

- (A) LÄNGE: 34 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

50 QAEDKSETGL MRITGKLALA PPENELFHSL ADHP 34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 372:

- (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

15 NSSFSGGAKA SFPVIRISPV SLLSSACYRE MALLITDP

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 373:

20 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

35 RQLFGIVSIA TLTVLAYERY IRVVHARVIN FSWAWRAITY IWLISLAWAG APLLGNRYI 60
LDVHGLGCTV DWKSKDANDS SFVLFLFLGC LVVPLGVIAH CYGHILYFHS NASLVWKIFR120
QFK 123

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 374:

45 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

TVHSRGPCQS DQFFLGLEGH YLHLALLTGV GRSTSPGMEQ VHPGRTTRRL HCGLEIQGCQ 60
RFLLCAPLIS WLPGGAPGCH SPLLPYSIF PFECFVGVED LQTIQVIKIL KYEKKLAKMC120
F 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 375:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

HPGAPPGSQE IRKAQRRNRW HPWISSPQCS LVRVRPGCTC SIPGEVLLPT PVSRARCR 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 376:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

AFTCDFVPLC GLLEQWTTKS AMQFIKVDLV ICHPTAYGPC KPVLEANIL

49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 377:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

FCTTLWPSGA MDNQVSYAVH KSGPGYMSSN SIWSLQACFG SQYSITYRNP LESDVFGSNI60
FSQGSNGL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 378:

20 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

HITRSTFMNC IADLVVHCSR RPQSGTKSQV KAQTAPVILV VLSLHSSPLA KTGLNMKSPA60
PRPQ 64

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 379:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

5 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMETLCI 60
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMLIP120
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT PLIS 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 380:

10

- (A) LÄNGE: 254 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

YEIQSLPFPS FSSAKLSLLW HSPFTQMTM PSVQNGGECL RAYVSVTLEQ VAQWHDEQGH 60
NGLWYVMQVV SQLDPRTSE FTAAFVGRV STLISKAGRE LGENLDQILR AILSKMQQAE120
30 TLSVMQSLIM VFAHLVHTQL EPLLEFLCSL PGPTGKPALE FVMAEWTSRQ HLFYGGYEGK180
VSSVALCKLL QHGINADDKR LQDIRVKGEE IYSMDEGIRT RSKSAKNPER WTNIPLLVKI240
LKLIINELSN VMGG 254

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 381:

- 35 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

50

SLSGPNANEA DSHSGQHNAG PSRQDSCRAL CDTIDILTTV VRNTKPPLSQ LLICQAFPAV60
AQCTLHTDDN AISAEWRRVL AGLCVSDPGT SSPVA 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 382:

- 5 (A) LÄNGE: 263 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

20 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMTLCI 60
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMRLLP120
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT PIDILTTVVR NTKPPLSOLL ICQAFPAVAQ CTLHTDDNAT180
MQNGGECLRA YVSVTLEQVA QWHDEQGHNG LWYVMQVVSQ LLDPRITSEFT AAFVGRLCFH240
PHLQGRAGTR GESRPDFFVP SFS 263

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 383:

- 30 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

45 TLRCGGPGAG SPLASHTTVH CGPAHHATGL LVPGSLTHRP ASTLRHSAWW HCHLCEGYTV60
PQQGKLGR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 384:

- 50 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

HIGPQALSAI LHGGIVICVK GTLCHSRESL ADEKLGKGRL CISYYCCQDI NGCRTKPCRN60
LVCWGLHYAD QSGNQPHLHW ALTGFNLGQL LEDVLSQ 97

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 385:

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

TRSSSPQTIT FDACVVIPCG DLQSQKQLSD SEKYLCPFKI KGSPYQDPCS LTNAGKQVCH 60
SWNEVVWTTT YQGWTSSTGG CMLKPYIHF TKESTPHNCQ YNQCNPVQIS ILIPTSTDPK120
35 PTLSCGIWHG SRNSRGTSYW 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 386:

40 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

DVPLLFRLLPC HIPQLKVGLG SVEVGMRIEI CTGLHWLYWQ LWGVLSLVK

49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 387:

5

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

SECMVLRITYN HRLTRSSLDI QLSTPPHSSY GRPVFLHSLR NKGLDRGSL S

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 388:

25

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

SSSPLSFCWF LPSPAASCSS SCPSGMTSWS RSGPSISGFS WLTDRAACTC GVPSPSPAPP60
KPLPPTGLSS TPAPGLAPAA ACPSEAPINT DLMVPFP

97

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 389:

- (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

10 GKGTMRSLVI GASEGQAAAG ARPGAGVEDR PVGGRGFGGA GELGQTPQVQ AALSVSQENP 60
EMEGPERDQL VIPDGQEEEQ EAAGEGRNQQ KLRGEDDYNM DENEAESETD KQAALAGNDR120
NIDVFNVEDQ KRDTINLLDQ REKRNHTL 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 390:

15

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

GPRDRLIQPS YFQRGKWGLE VTEHLAGALA PLASHRLPSS WDYRHTVTEA GPCNSRCHL60
QLKHSSYVMS LVTKVKLSHP EKAT 84

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 391:

(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 391:

CGKKCITLFL FLSPSLPLWC LRYWGSHSWG HSEATRNAS LHLAVSARTR NPQTSSQTS 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 392:

- 5 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 392:

20 TPRNLNFHFSK LTQFHCVNTV SLGSTKHPIT QFCFIVWTPS RLQGHGQEV CEEVCGFLVL 60
ALTARCKLEA FLVASEWPQL WDPQYLRHHR GREGDRNRNR VMHFFPH 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 393:

- 25 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

40 VAPAVGSPVS QAPQRQGGQ EQKQSYAFLS TLKKRNYTFR GMLSPRSTSS PVFHDLPKK60
I 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 394:

- 45 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 394:

10 CNCAPSLPDF SPLHPQCGIS LVPRGTPLDL WTSRPGQEEA TRNPRPLLLK FTASVVVPDS60
SPAPGTTSTW GGAF 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 395:

15 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 395:

30 ATVHPACQIF PHYTPSVAYP WSPEAHPLIC GPPGLDKRLL PETPGPCYSN SQPVWLCLTP 60
RQPLEPHPPG EGPSEWSSDT AEGRPCPYPH CQVLSAQPGS EEELEELCEQ AV 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 396:

35 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

50 DRRSHGLLLY NLPGEQFKNM NQDPFDPLII QKSTQKYAQK YVGIH 45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 397:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 397:

ERLSHCRLV MLALISLCTP CTHAFSPV FY QASVSCITLK CDH

43

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 398:

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 398:

WIKRILIHIF KLLSREVVQ QSMRASISLP LLGDACPHLP MYPMHSCLLS CFLSSL SFMY60
YTKM

40

64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 399:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 399:

HIKIEFFGQN FWEAMHPTWA DIQPELFSRG EWYQFMAEI HSDWLESMLY QLLNLSITL60
AYCYYYISSI YRQKGHF 77

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 400:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 400:

SSLGKTFGKQ CILHGLIFSL SCSQEESGTG SLWLKSILIG WSLCYTSC 48

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 401:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 401:

FRNPALIEPS VGSTAEIFRA FNILKMAFLS IYRGNIIVTV CKSDTQNV 48

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 402:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 402:

15 EQLRLNISPC RMHCFPKVLP KELYFYVLSH RTGEKCSGHC WDLIFLGMGS GLMILATGVQ60
ENGSPGSDSW 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 403:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 403:

35 MCDFIRGICQ FSHCGSFSD F ACSSSKEARS FADFTIPQTC KFLTSSKLAL ALSSTFPFKS60
NLC 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 404:

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 404:

MGITHECVIL LGASANSLTV VPSLTLPVHH LRRLDPSLTS PFLKPVSFSL LPNWLWLFLQ60
PFHSRAIFAK E 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 405:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:

LGDHIYNWDV NHFFSGIRAQ RHNLOQHIIY YEHFTVRLFI LPSTCAEMKP KQAVGFHKSI60
YVG 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 406:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 406:

LVEPNGLFWF HFSASRRQNK ESHSKMFIVD NMSLKVVPLC SYSTEEMIHI PIIDMVSQSE60
ESFRRRLHKYV LTCPMLGMR KIIVIDKT 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 407:

(A) LÄNGE: 269 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

15 LTVVYTVFYA LLFVFIYVQL WLVLRYRHKR LSYQSVFLFL CLFWASRRTV LFSFYFKDFV 60
AANSLSPFVF WLLYCFPVCL QFFTTLTMNL YFTQVIFKAK SKYSPELLKY RLPLYLASLF120
ISLVFLLVNL TCAVLVKTGN WERKVIVSVR VAINDTLFLV CAVSLSICLY KISKMSLANI180
20 YLESKGSSVC QVTAIGVTVI LLYTSRACYN LFILSFSQNK SVHSFDYDWY NVSDQADLKN240
QLGDAGYVLF GVVLFVWELL PTTLVVYFFR VRNPTKDLTN PGMVPSHGFS PQILFL 296

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 408:

25 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

40 HRRHLHRLRA ALRVHLRAAL AGAALPPQAA QLPRLPLSL PLLGLPADRP LLLLLQRLRG 60
GQFAQPLRLL AALLLPCVPA VFHPHADELV LHAGDFQSQV KIFSRTQIP VAPLPGLPLH120
QPCFPVGEFN LCCAGKDGKL GEEGYRLCAS GH 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 409:

45 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

10 LGFENHLREV QVHQREGKQL QAHREAVEQP EDEGAERIGR HEVFEVEGEE DGPPGGPEEA 60
EKEEDALVAE PLVAVTQHQP ELHVDEHEEQ RVEHGVDDGE 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 410:

(A) LÄNGE: 268 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

30 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMETLCI 60
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMLIP120
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT AIDILTTVVR NTKPPLSOLL ICQAFPAVAQ CTLHTDDNAT180
MQNGGECLRA YVSVTLEQVA QWHDEQGHNG LWYVMQVVSQ LLDPRTSEFT AAFVGAFVST240
LISKAGRELG ENLDQISSCH PSVKMAGG 268

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 411:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

HIGPQALSAI LHGGIVICVK GTLCHSRESL ADEKLGKGRL CISYYCCQDI NGCRTKPCR60

LVCWGLHYAD QSGNQPHLHW ALTGFNLGQL LEDVLSQ

97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 412:

- 5 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

20

PPAILTEGWH EEIWSRFSPS SRPALEMRVE TKAPTKAAVN SEVRGSRSWL TTCITYHSPL60
WPCSSCHWAT CSRVTDT 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 413:

25

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

IGFASIPPRI SGSPSILLAF YPHPPSPKLG PVLLCARETP KFRKRSIFYR GGFILDQKNK60
KN 62

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 414:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

10 DLIYNYCYCP SDLSFSAIDV IASRSSHNV FNPALILMLR MEFLTSSLKE PQPPNTYTYT60
SRIAK 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 415:

15 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

30 LDSLPFHVF PDPHPSFWLF TRIRHLRSWG QCYVPGKPR NLGENQYFTG EDSSLTKKIK60
KIKNTKKFMF LYCIPKECLY TVIILKENTS MLDI 94

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 416:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

GRNRDQLNLH IPQAGPFAGP YRLGWPLLSS GIRLPDWLVL HVSIKLKVIP WPPPGENQPH60

PASWGQWGRD FGLSEQLLEA AHD

83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 417:

- 5 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

20

RRKASIIAFK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNVLKDVSGV RSSMWLAKGH60
LYLFQLEFIN SCSLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 418:

25

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

40

TLNPHKTLISA KKRVIFFCI QDSTANLVFC YKNLVSHFLL KRTRITGTHP QLHETPSFLN60
EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 419:

45

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

10 YSFFFLYQN NHLPLFFLER EEESGEEGKN AKCHFELLVH HTRGSPLMSA ASVHRPQVKE60
RMRSSWTS 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 420:

15 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

30 KPSIHFFFSK TKTIIFLYFS WSGKRRVEKK GRMQSVTLNF SFTTHVGVHS CQQPPCTGPR60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 421:

35 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 421:

50 DAGCRFVAPA LSGSPEITPQ RQLPFVNTRQ AVLAGPTRPH SFFHLGPVHG GC 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 422:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:

VLGKSSMSIT IVWKANLHPK QIEVSQVKPH RMANRCLGCR MQVRGPGPVW LP

52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 423:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 423:

YRYVFPTTHY GYNGVELQTV KFCFGLVSPD PPRQELPLPP YLPALKLCPI KLDTNLTGF 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 424:

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 424:

5

VTCLSLYVET NFTMITDLN ISSLNFTIL KLLGKLTPE CSKGALHLLK PWGHTSSVAS60
EGQILWVVD NEVLTYVIL 79

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 425:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 425:

HKKTSSYSGV TVCSYDSIIR LKAGEICVQF NRTQLKGRQV GWERKLLSGG IRGNQSKTKF 60
YCLQFNSIIA IMCSGKHIPV LLDRVSFPFS GTKMVEGIIN PT 102

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 426:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:

SMPFQFGTQP RRFVVEGGDS SIELEPGLSS SAACNGKEMS PTRQLRRCPG SHCLTITDVP60
VTVYATTRKP PAQSSKEMHP K 81

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 427:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:

15 GRASALACHR YRSDWASGLY ILAALSTSSS IGSSGGRGNW QQVGNYVKES PDVIISGCHR60
NI 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 428:

20 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

REHQLLSGND FQGTSGVAWL VTSPSHYRQH WSSAQVPAQL KNLLPLETS LAGFQIEKAY 60
FTENQKRLSL IPVEVNKSM L STGLSTEGWN CQRNDDQMFR 100

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 429:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

5 NSHLNVTLLII IMLIFSISYR NQSLCLKHRG LKNVYHSIFI

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 430:

- 10 (A) LÄNGE:31 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

25 GGIGYKGGRYL NSSNNGYNPF FHNHLGCFKA I

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 431:

- 30 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

45 TLIPIRDAKN QHNYQCHIQ VGILPNTTIK GRIKLDNLIK KYKAFKNLTH HLK

53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 432:

- 50 (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 432:

IALKHPKWLW KKGLYPLFEL FRYLPLYPIP P

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 433:

15

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 433:

CNIFQWGPSE HTCWTVTQTIS SPEGKYFCIR GNSVLERNMF FISQIKTSLN GKLASNFFKY60
SIFFSPLVVT GFYRSSYTVC FNSGP 85

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 434:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 434:

LLIREINQVF PLIYDAIYFS GGLQSTPVGR CKPYLLQKAN TFVSEETQFW RGICSLYLKS60

KLSLMVNWLL IFLSTVFFFP L

81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 435:

- 5 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 435:

20

YKSICLLEKI WFAPSNRCAL KAPTEIYCII DEGKDLVNFS YQKLVFRTSC PTWLPGAQGF60
FSEIVLRDPQ TCSPSPGATC ASSPRRQAVR SMRLS 95

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 436:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 436:

SCAFLLLLWGH SGPTWASMDP GLEQAHLHLF HLRQCGSRCQ EGLTSGPSRF LCARNERP60
ILPPRLDPEV RAGQPSRKHT V 81

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 437:

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
50 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 437:

10

SRWNDSHPLL ISPLTSLKLL SSSKSHCQLP YVVLGPREPW NLAPWGGLIP AREHSCFSRD60
TVACMGQHGP WADHVHSCFS GDTVGPHGPA WTLG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 438:

15

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 438:

HLEPHCLRWK RWRACSSPG SMLAHVGPLC PQRSRNAHDQ PRVHAGPCRP LCPLRSRNAL60
VPELNHPRVP GSKAPWDPEP HTEVGNGSLM S 91

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 439:

(A) LÄNGE: 456 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 439:

ITKTHKVDLG LPEKKKKKKV VKEPETRYSV LNDDYFADV SPLRATSPSK SVAHQAPEM 60

PLVKKKKKKK KGVSTLCEEH VEPETTLPAR RTEKSPSLRK QVFGHLEFLS GEKKNKKSPL120
AMSHASGVKT SPDPRQGEET TRVGKKLKKH KKEKKGAQDP TAFSVQDPWF CEAREARDVG180
DTCSVGKKDE EQAALGQKRK RKSPREHNGK VKKKKKIHQE GDALPGHSPK SRSMESSPRK240
GSKKKPVKVE APEYIPISDD PKASAKKKMK SKKKVEQFVI EEPALKRKKK KERESGVAGD300
5 PWKEETDTDL EVVLEKKGNM DEAHIDQVRR KALQEEIDRE SGKTEASETR KWTGTQFGQW360
DTAGFENEDQ KLKFLRLMGG FKNLSPSFSR PASTIARPNM ALGKKAADSL QQNLQRDYDR420
AMSWKYSRGA GLGFSTAPNK IFYIDRNASK SVKLED 456

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 440:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 440:

VRVCFLLPV SCYPTLSLLL FLPFQSWLLD DWLLYLLFGL HLFLCGGLRV ITYGDVFRSL 60
NFDWLLFTSF PRAALHGPGG LGVAWEGISL LVDFFFLLHL PIVFSGALPL PFLPQGCLFL120
30 ILLPH 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 441:

(A) LÄNGE: 381 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 441:

50 SRCRFCCRLS AAFLPRAMLG LAIVLAGRLN EGDRFLKPPI SLRNFSFWSS FSKPAVSHWP 60
NWVPVHFLVS EASVLPDSRS ISSCKAFRLT WSMCASSMLP FFSNTTSKSV SVSSFQGSPA120
TPLSLSFFFF LFRAGSSMTG CSTFFLDLFI FFAEALGSSL MGMYSGASTL TGFFLLPFLG180
LLSMDLEGL WPGRASPSWW IFFFFFTFPL CSLGLFRFRF CPKAACSSSF FPTEQVSPTS240
LASLASQNQG SWTEKAVGSW APFFSFLCFL SFLPTLVSSS PCLGSGEVFT PEAWDMARGD300
55 FLFFFSPLRN SKWPNTCFLR LGDFSVRLAG SVVSGSTCSS QRVLTPIFFF FFFFTRGISG360

ACPWATLLEG DVALKGETSA K

381

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 442:

- 5 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 442:

20

DHHNKLSLQS QTYIILLSVN GEKISPYVLW VKCCNRLGLS NLP

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 443:

- 25 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 443:

40

MVISIFPPLL YKLIFTHLLL YKLTFINTNK RLVLSQLFICH EPRNN

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 444:

- 45 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 444:

GKPKNCCDFF QGKLDNPNLL QHFTHKTYGL IFSPLTDSSI

40

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 445:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 445:

GVGGGALRSA ALPWRTLEPLT STCSRCTKPS TAEMEHLVQS WCLLNILMLQ THDFKWPLQR60
RSVNKSWNPL MMKCLQLI 78

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 446:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 446:

RLRRRGWRSP FGGAPMAHIT INQYLQQVYE AIDS RDGASC AELVSFKHPH VANPRLQMAS 60
PEEKCCQQVLE PPYDEMFAAH LRCTYAVGNH DFIEAYKCQT VIVQSFLRAF QAHKEENWAL120
LSCMQ 125

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 447:

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 447:

20 MSCKHFIIRG FQDLLTLLW RGHLKSWVCN MRMEKRHQLC TRCSISAVDG FVHLLQVLVN60
GNVRHGSAAE RRAPPPTPQA 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 448:

- 25 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 448:

40 RSRGFSCVQT PCHFREVTA CVISLWQQVG GLPQGRWPE MCFRSLTHHS LHTREHHSW60
SILRMEI 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 449:

- 45 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 449:

PITPYTHDVN TTPGAFSEWR FEFHVAASHT QTCHHSPHTH SRHSTAMSQK KFLVSDLKVL60

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 450:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 450:

RATSGRSGFI KPSNLKQGTS FGSWLLNVVS GCVGNDGRFV CEKLPHQIQI SILRMLQEW60
SRRVCRE 67

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 451:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 451:

SASHPESRLC RGGADMQAPR GTLVFALVIA LVPVGREPSS QGSQSALQTY ELGSENVKVP 60
150 IFEEDTPSVM EIEEMEELDKW MNSMNRNADF ECLPTLKEEK ESNHNPSDSE S 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 452:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 452:

EEWALEETAK GSCVYVDLKL IKFVSSSSSV GSLSRLPQGL LLENMSAIQ V

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 453:

20

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 453:

FDSFSSFKVG KHSKSAFLFM LFIHLSSSSI SISITEGVSS SKIGTFTFSL PSSYVCKAL 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 454:

40

- (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 454:

5 PITTCSLGDP GKDKYTCTHR GRERCVQRIC INILFSHPDM RSQCCMMKRW YDSTYVPIVL 60
LFLYFLFRSF TIGRFQKHSF HHHLEMVCLN GDNSRSCSIS SRHGLLI 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 455:

- 10 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 455:

25 RRGVSFLLSR QKWYHYVAAL QSPRARSLEN HLLSRFFFFL RVGVSLCCPK TRPGNCWGAK60
GIAPVPQASR VGR 73

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 456:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 456:

SWGNIVRLLP SKKKKNAKEG DSLESELWEI GERQHNDTIS AYLEGKKLLS FSCMVTVISS60
RKDISKE 67

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 457:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 457:

15 DQPSLPFIRH KTLNLTSMAT KIIGSPETKW IDATSGIYNS EKSSNLSVTT DFSESLQSSN60
IESKEINGIH DESNAFESKA S 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 458:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

35 QLISPKAFRV LILNPKKSME FMMKAMLLNQ KHLESIFFEK P 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 459:

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

IPEVASIHV SGEPIILVAI LVRLRVLCRI NGREGW

36

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 460:

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

NSEGFRRNQL LQIDLKIFLS CKFQKLHGST LFQVNL

36

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 461:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

GRRNDQLNLH IPQAGPFAGP YRLGWPLLSS GIRLPDWLVL HVSILKLVIP WPPPGENQPH60
PASWGQWGRD FGLSEQLEA AHD

83

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 462:

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:

RRKASIIAFK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNVLKDVSGV RSSMWLAKGH60
LYLFQLEFIN SCSLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 463:

15 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

TLNPHKTLISA KKRARVIFFCI QDSTANLVFC YKNLVSHFLL KRTRITGTHP QLHETPSFLN60
EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 464:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

NLFTMKFLPE FSPFDTNSMH VSTFETQPNV ISVKSSLSLP SSNLPSPRVY LPFCAHLSYS60

SMLFYNCDSP GSLGAI

76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 465:

- 5 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

20

NQRMIEIYSN TKTERKCHST LKAANTIDHF IWLPDSQESH NCKITCYCNS NVHKMAGKL 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 466:

- 25 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

40

HATVTQMCTK WQVNSRRRQI TAWKTQGRFY RNDIWSLEG

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 467:

- 45 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

IPLQRFSLLT SLFFVLKLDL LVVHASLSLV TVNNLPTSSN Q

41

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 468:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

LSKAIYFCKK AAACINHDHS STLNKERKRF LSLTQSLPLC HSPRGWGWT HSKLTRLAIC60
EYFSK 65

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 469:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

PDWLFVNTFP NKEGKGDVSY SGGKCSFSGK NGCRVGNQGS RCELLIRTGG KVVHSN 56

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 470:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

15 ARPAPAGREG RGEGEATSRR CGVGHRAGPR EPAPHGAAV RPTPGPHHC AALSGAENYR 60
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRRHRPRGW AAASRTWRS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 471:

20 (A) LÄNGE: 399 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNPGPPSSLR RAFRRRELPF 60
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120
PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQKNNCVM PEDVKNFYLM TNGFHTWSV KLDEHIIPLG180
40 SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLDL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240
GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWFLDRLY WHFLTDTFTA YYRLILITHLG LPQWQYAFTS300
YGISPQAKQW FSKYKPITYN TNLTEETDS FVNKLDPKSV FKSNNKIVIP KKKGPVQFAG360
GQKGPSGPSG PSTSSTSKSS SGSGETPPGK LRHPSFQFA 399

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 472:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

10 RSAGGFSMMV TSVTPGEDSR MRVMPRVSF S RCGLLQPSPG DDASSSMARD RDSRAAGAGG60
GPD PASAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGPGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 473:

15 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 473:

30 KYVSHANISI YKWRTLTL LLS FSYKIPNFVI ILSGITLYCK NASYFTFKFD NVCDEL 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 474:

35 (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 474:

50 WIFRVCCISR EIHFYILFYY KHLDKGHLTH FKKHKCI 37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 475:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 475:

PKGLSIKVRRLNLTTRRKRCRLNFIHHIH CQI

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 476:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 476:

HIKIEFFGQN FWEAMHPTWA DIQPELFSRG EWYWQFMAEI HSDWLESMLY QLLNLSITL60
AYCYYIISI YRQKGHFRNI

80

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 477:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 477:

SSLGKTFGKQ CILHGLIFSL SCSQEESGTG SLWLKSILIG WSLCYTSC

48

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 478:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 478:

EQLRLNISPC RMHCFPKVLP KELYFYVLSH RTGEKCSGHC WDLIFLGMGS GLMILATGVQ60
ENGSPGSDSW 70

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 479:

(A) LÄNGE: 400 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 479:

50 PQQTPWAVAG RWCNGPSLHR NRAGLDLPTI DTGYDSQPQD VLGIRQLERP LPLTSVCYPQ 60
DLPRPLRSRE FPQFEPQRYP ACAQMLPPNL SPHAPWNYHY HCPGSPDHQV PYGHDYPRAA120
YQQVIQPALP GQPLPGASVR GLHPVQKVIL NYPSPWDQEE RPAQRDCSFP GLPRHQDQPH180
HQPPNRAGAP GESLECPAEL RPQVPQPPSP AAVPRPPSNP PARGTLKTSN LPEELRKVFI240
TYSMDTAMEV VKFVNFLLVN GFQTAIDIFE DRIRGIDIK WMERYLRDKT VMIIVAISPK300
YKQDVEGAES QLDEDEHGLH TKYIHRMMQI EFIKQGS MNF RFIPVLPNA KKEHVPTWLQ360

NTHVYSWPKN KKNILLRLLR EEEYVAPPRG PLPTLQVVPL

400

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 480:

- 5 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 480:

20 SSSGWRVARG SRHSSWGRR L GNLWSQLCRA LQGLPRSTSS IRWLVMWLVL VPWKPRKGAV 60
SLCGPLFLVP GAGIIQDNLL HRVQASHTGS RQGLPRQSRL DHLLVGCSR VMAIWHLVIG120
TSRTMVMIVP WSMWGKIGRQ HLCTCWIPLR FKLRELPGE RSGEVLGVTH GGEGQGPFQL180
25 PDAQDILGLG IISRVYGWQI QACSVPVQAG AVAPSPCYRP RSLLR 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 481:

- (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 481:

45 KQRMQSSHRL HFKARVCGGL RGRALHNRFP GGQRASRGGT EKNQPGVLPT SLSQNAVRTR 60
PQTWPLGSDL GMNGVTREPP EGWAEAPVEE PHTLPLSAAA AGCFFYSWAS CRHECSEARW120
AHAPS 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 482:

- 50 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 482:

VAMTAKDCSI MIALSPCLQD ASSDQRPVVP SSRSRFAFSV SVLDLCLKPY ESIPHQYKLD60
GKIVNYYSKT VRAKDNVMS TRFKESEDCT LVLHKV 96

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 483:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 483:

LHCLPVCRRMP ALIKGLWSLH RGPGLPFPCL CWTLTSSPTR AFFISINWTA RSSTIIQRLY60
VPKTTT 66

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 484:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 484:

NKAFRIRESD MSPGWERRTI QNVFPGLNGH FHFKSVSSFL GHSTHFLHSL SRKFLVLVFN 60
SMSPRGNPTS KGVKSNIHN QRSPTTNI SIIQPSHYVQ VSKTLQGKS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 485:

5

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 485:

CSSIPCLQEA IPPQKGLKAK TFTTKGHPTQ QKISLSFSLH IMFKFQRHCR ERVRPCGELM60
CNLRFP 66

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 486:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 486:

45

ARPAPAGREG RGEGEATSRG CGVGHRAGPR EPAPHGAAAV RPTPGPHHC AALSGAENYR 60
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRRHRPRGW AAASRTWRS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 487:

50

- (A) LÄNGE: 389 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 487:

15 AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNP GPPSSLR RAFRRREL PF 60
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120
PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQKNNCVM PEDVKNFYLM TNGFHMTWSV KLDEHIIPLG180
SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240
GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWFLDRALY WHFLTDTFTA YYRL LITHLG LPQWQYAFTS300
YGISPOAKQW FSKYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDP SKV FSKSNKIVIP KKKGPVQPAG360
GQKGPSPSG PSTSSTSKSS SGSGNPTRK 389

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 488:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 488:

40 RSAGGFMMV TSVTPGEDSR MRVMPRVFS RCGLLQPS PG DDASSMARD RDSRAAGAGG60
GPD PASAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGPGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 489:

45 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 489:

LAAGRGKEEE MGFEDHGLPF LPLTHHTPPF PLSLSPLPKK KKKETFIMNQ QGFSPYQREM 60
WKELKKPPFV PNSTLPIFYA TQTLSEFWVPF LQMDLLRRII VFHVFSPOVT KINICIYNLY120
YCYIFVDNTF RWCWVIYYNL NLGISFGLPQ SC 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 490:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 490:

GPWLTFPAFD PSHPISSSFP LPAAKKKKKG NVYHESTGFQ SLSKRDVERA KETTLCSQLH60
FTHILCNTNT VLLGPFLTDG PLEKNYRIPR F 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 491:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 491:

KWGTQKAGNF HYPILGLNLK EYIHYQELST KAGVKLHYTW LFTIPGSPPQ HDCGRPKDIP60
RFRL 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 492:

5

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 492:

RFASRVGNE PDINTPSSMP CPPSGVPVK AGSHFSHPQA VPKALEEPKE RQEPSWELTL60
MTRGQLAQFP LFSWGEGTL 79

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 493:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 493:

KSSPDPARHY GSPPEGERRG KRSVPKVNPR SLGPTSLPTA TSHQPHARAR PFPLQLTAQQ 60
45 MLGQNASPHL TKGLQPAGWE MNQILTPPPP CPAHLLGQYQ 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 494:

50

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 494:

KGSLPPTKQG KLGQLAPGHQ GQLPTWLLPF LGFFQGFGNS LGVGEVASCL HWYWPRRWAG60
HGGGGVNIWF ISHPAGCKPL VK 82

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 495:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 495:

35

RVPSPQLNKG NWANWPLVIK VNSQLGSCLS LGSSRALGTA WGWEKWLPAP TGTGPEGGQG60
MEEGVLISSG FPTLLAVNL 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 496:

40

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 496:

IQKVQYYTSP AAFVNGSLHS HWGTTVCMGR NSKCPHCGHW VGS AFCQGV C RNWLISVCQS60
DQHTKVS AIK NVASLHPPSC YSGPSNLM 88

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 497:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

10

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 497:

SHTSEKRRGT REEVTPASRS SISGVKRGTV ALPSWLRMRK SFLQWEEIHF SIPVQSDFMG60
PVLNSDCIIN TIKRDSEMG S RIHWDNSKAY NTALMDPT 98

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 498:

30

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 498:

45

AGYTPVSSTI RQLHQITGPR VTGWRMQGSH ILYGRDFGVL ITLAYRNKPI PADSLTKGTP60
HPMTTMRALA VSAHAHSCTP MAV 83

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 499:

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 499:

15

GKICEYVNFL SLRDDRMFPY FSCKENNILT YTSCRKYHLF PLYYSTMFTL LYCQAESIKN60
VHIHFELCIL FLKKGAGLWH WAGHD 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 500:

20

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 500:

SYRLKGIGKC VFSRDHVESE QCWQTLPRKS CFSRCPCFGI SFLGRKKKSS LTIVNSISYF60
SFCCSNGFPP TIIPSIYVLL YSPLSPVTFL SNTFPKPF 98

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 501:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 501:

VSSCTSNHGV RSSLSSGEHK CTERDVLVRT TKELPSLSLT QAMCTCDAAE CAGVGGGHVA60
PPEHFLTGKL GDPLLNVFVE IRTVSFT 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 502:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 502:

TPKTLGCLLV SRVEQAQRES LGPELKEFIE PWQTGSKQPI LAAVLRRECG GQI 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 503:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 503:

PSGPFSSLES TLLLQQVQAA IASFLSDCNS PIRFPCFYIC PPHSLNTAA RMGCLLPVCH60
GSINLSGGP KDSRWACSTR DTSRQPSVLG V 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 504:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

VFIYDSLIIIP TSISSVHTVC QMFHAEPVSR ILLSDYGGFT TRPGNSNLGS KVGHSSMHR 59

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 505:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 505:

DRKFWNQKID PVFSYIQSST SEFLFLNIGV LALFLKDALY LKRKLDFTG CGAVKYFRPR60
SVYTFYRRNE VL 72

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 506:

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 506:

SILGPGLCTH FIEEMKYSEV FWLPFHFCNV LNLSHTYIV LLGAVVSFIK PLACVQKFLK 60
GNTSNAYPLL ACYACFTAI AVCFTVFVKI PLSPFLVTGK AC 102

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 507:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 507:

30 NNEHKMLFII TSICEISYCK TTTGLLNSL VIVFRLEMPP TLVINITKYN VFLGRHFIKC60
IMPWLLLR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 508:

35 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 508:

50

LKFLQVLKFF FYSLHWIYVF LIPNMFNWDV CHSRAARQTF KNSHTAELA FLLTQKFRKL60
TVTVT 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 509:

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 509:

20 GPPRAHWPLPN TMLEPKRANM GPEYNGDIFM FQPFNLTCLL LSFPPISSNL FCLTIYYLLG60
ITSSYRIPSS LMSCPQY 78

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 510:

- 30 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 510:

45 SLKLLGFLDV ENTPCARHSI LYGSLGSVVA GFGHFLTSE YLYFLFLYVL KKAFLYIMNY60
FFF 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 511:

- 50 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 511:

SFVKWSPNLK LGNYEEKIA RYLLRSACRS AVGLVTIGSK VLLQWQILWP LSG

53

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 512:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 512:

ICCRACHHWK QGPTSVADLV AFEWLKTTTL HRAGAMHRHP SLP

43

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 513:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 513:

QALQQIYRQT LTDTGQFSLR RNFLVLSWVT ILQNFTT

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 514:

5

- (A) LÄNGE: 228 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 514:

TGGARARRPL SAVARPARSS DPLRSAPLGP APPVNMIRCG LACERCRWIL PLLLLSAIAF 60
DIIALAGRGW LQSSDHGQTS SLWWKCSQEG GSGSYEEGC QSLMEYAWGR AAAAMLFCGF120
IILVICFILS FFALCGPQML VFLRVIGLL ALAAVFQIIS LVIYPVKYTQ TETLHANRAV180
25 TYIYNWAYGF GWAATIILIG CAFFFCCLPN YEDDLLGNAK PRYFYTSA 228

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 515:

30

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 515:

45

DPLPPPSWEH FHHSEDVWPW SLDCNQPRPA SAMMSKAMAL SRSRGRIQRQ RSQARPQRIM60
LTGAGPSGA ERSGSEERAG RATAESGLRA RAPP 94

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 516:

- (A) LÄNGE: 208 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 516:

15 TLPKNGFKVA WRNSFFFWSP SQQQRFSPTE IPKLGRCEV PGLGIAQKVI FVVGEAAEEE 60
GTADQDNRG C PPKAVGPVID VSDSTVGMKG EGLGVLHGVN YQGDDLEHSS QGKETSNSHQ120
EDKHLGSTEG EGEDETDHQ DDEATEEHGS RCSTPRVLHE ALTALLVGPA AAALLGAFPP180
QRGRLAVVAR LQPAAAGQRD DVEGDGAE 208

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 517:

(A) LÄNGE: 204 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 517:

40 PSCPPEMKKE LPVDSCLPRS LELHPQKMDP KRQHIQLLSS LTECLTVDEL SASVWRQLYP 60
KHLSSQSSLL EHLSSWEQI PPKVQKSLQE TIQSLKLTNQ ELLRKGSSNN QDVVTCMAC120
KGLLQQVQGP RLPWTRLLLL LLVFAVGFLC HDLRSHSSFQ ASLTGRLLRS SGFLPASQQA180
CSKFTPTVCK VTGWLGEKCR FGVP 204

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 518:

45

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 518:

PEVMAQEAYS EDQQQQEEPR PGQPRTLNLL QQALAGHVTG DDILVVTATL PQQLLVGKLE60
GLNGFLQRLL YLLGNLLPGA EQVLQQKAGL 90

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 519:

15 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 519:

30

GTPKRHFSPN QPVTLQTVGV NLEHACWLAG KKPDDRSNRP VREAWKELCD RRSWHRKPTA60
KTSSNRRSRV QGSRGP 76

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 520:

40 (A) LÄNGE: 355 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 520:

FRHSMNGCEK DSSSTDSANE KPALIPREKK ISILEEPSKA LRGVTGPNIE KSVKDLQRCT 60

VSLTRYRVMI KEEVDSSVKK IKAFAELHN CIIDKEVSLM AEMDKVKEEA MEILTARQKK120
AEELKRLTDL ASQMAEMQLA ELRAEIKHFV SERKYDEELG KAARFSCDIE QLKAQIMLCG180
EITHPKNNYS SRTPCSSLLP LLNAHAATSG KQSNFSRKSS THNKPSEGKA ANPKMVSSLP240
STADPSHQTM PANKQNGSSN QRRRFNPQYH NNRLNGPAKS QGSGNEAEPL GKGNSRHEHR300
5 RQPHNGFRPK NKGGAQNQEA SLGMKTPEAP AHSEKPRRRQ ARCPTPREGQ GPFRG 355

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 521:

- 10 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 521:

25 NQNVKNRGTT KKCLPSVEKL PNPPWGQKNA TVKTPNRKLT PERPLALPRC PAACLPSPGL 60
FRMGRGLGGL HPQGSLLIFG TAFVFGPEAV VRLSSVFVAA VALSQWLGI PTALRLGRPI120

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 522:

- 35 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 522:

50 RAVRISMAL LTLISIAINE TSLSMQLCN SAKAALIFT ELSTSSLIMT RYLVRTVQR 60
CKSFDFSFIF GPVTPRSAFE GSSSIEIFFS RGIRAGFSLA ESDVDFSFQ PFMLCR 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 523:

55

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 523:

RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRVSG AANTKVRELK HFRFLGLLRS 60
CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGGRO NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILFDV120
VVFLFVYFLP 130

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 524:

25

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 524:

40

ISANKSWQKI HKEKHHHIEK DEKPEVQPVG VFGKPICPRL RPHIEVLPPS LAKASPLPET60
ISTINTRCVH LHLAPAAS 78

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 525:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 525:

10 GLTSKFCLPP SLKPRRSRRP SRPSTPGAST SISLLQLRNN PRNRKCLSSR TLVFAAPETE60
RSPAACAVRR APGSGMHSEP TLPSAQAPGS AFRCL 95

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 526:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 526:

35 SLNSTFSVLP QKFPQFQQHR AVYNSFSFPG QAARYPWMAF PRNSIMHLNH TANPTSNSNF 60
LDLNLPPQHN TGLGGIPVAG EEEVKVSTMP LSTSSHSLQQ GQOPTSLHTT VA 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 527:

40 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 527:

RFRPCHCQPL PIHYNKDSSL QVSTLLWPDN RTERRGLDSG VLAWATGFLH DSFMILLMY60
TPRRANINVP HA 72

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 528:

- 10 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 528:

25 RNHAKIQLEPM QAPQSLILSS QFCCQATVVW RLVGCCPCCN EWEEVDSGMV ETFTSSSPAT 60
GIPPRPVLCC GGRFKSKKLL FEVGFAVWFK CMMLLRGKAI QG 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 531:

30

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1708 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 531

CCTGGAAACA AGATCCAAAC CCAAGTGACC CCGCCGGAAA GTGACCCAGT CAGGTTTAAA 60
AATTCCAACA AACCGACGTG AACAAATAGA CCGACCAACC AAATATACAA TCCGTCAAAA 120

```

TACATTCAC TCCACTACGA AACCCCAACA AAGGGTGTGA ATGCCCGCCC AGGAGAGACG 180
GTTTTGGTTT CATCAAGTGT GTGGATCGTG ATGTTTCGTAT GTTCTTCCAC TTCAGTGAAA 240
TTCTGGATGG GAACCAGCTC CATATTGCAG ATGAAGTAGA GTTFACTGTG GTTCCTGATA 300
TGCTCTCTGC TCAAAGAAAT CATGCTATTA GGATTAAGAA ACTTCCCAAG GGCACGGTTT 360
5 CATTTCATTC CCATTCAGAT CACCGTTTTT TGGGCACGGT AGAAAAAGAA GCCACTTTTT 420
CCAATCCTAA AACCACTAGC CCAAATAAAG GCAAAGAGAA GGAGGCTGAG GATGGCATT 480
TTGCTTATGA TGACTGTGGG GTGAAACTGA CTATTGCTTT TCAAGCCAAG GATGTGGAAG 540
GATCTACTTC TCCTCAAATA GGAGATAAGG TTGAATTTAG TATTAGTGAC AAACAGAGGC 600
CTGGACAGCA GGTTGCAACT TGTGTGCGAC TTTTAGGTCG TAATTCTAAC TCCAAGAGGC 660
10 TCTTGGGTTA TGTGGCAACT CTGAAGGATA ATTTTGGATT TATTGAAACA GCCAATCATG 720
ATAAGGAAAT CTTTTTCCAT TACAGTGAGT TCTCTGGTGA TGTGATAGC CTGGAAGTGG 780
GGGACATGGT CGAGTATAGC TTGTCCAAAG GCAAAGGCAA CAAAGTCAGT GCAGAAAAAG 840
TGAACAAAAC AACTCAGTG AATGGCATT  CTGAGGAAGC TGATCCCACC ATTTACTCTG 900
GCAAAGTAAT TCGCCCCCTG AGGAGTGTTG ATCCAACACA GACTGAGTAC CAAGGAATGA 960
15 TTGAGATTGT GGAGGAGGGC GATATGAAAG GTGAGGTCTA TCCATTTGGC ATCGTTGGGA1020
TGGCCAACAA AGGGGATTGC CTGCAGAAAG GGGAGAGCGT CAAGTTCCAA TTGTGTGTCC1080
TGGGCCAAAA TGCACAAACT ATGGCTTACA ACATCACACC CCTGCGCAGG GCCACAGTGG1140
AATGTGTGAA AGATCAGTTT GGCTTCATTA ACTATGAAGT AGGAGATAGC AAGAAGCTCT1200
TTTTCCATGT GAAAGAAGTT CAGGATGGCA TTGAGCTACA GGCAGGAGAT GAGGTGGAGT1260
20 TCTCAGTGAT TCTTAATCAG CGCACTGGCA AGTGCAGCGC CTGTAATGTT TGGCGAGTCT1320
GTGAGGGCCC CAAGGCTGTT GCAGCTCCTC GACCTGATCG GTTGGTCAAT CGCTTGAAGA1380
ATATCACTCT GGATGATGCC AGTGCTCCTC GCCTAATGGT TCTTCGTCAG CCAAGGGGAC1440
CAGATAACTC AATGGGGTTT GGTGCAGAAA GAAAGATCCG TCAAGCTGGT GTCATTGACT1500
AACCACATCC ACAAAGCACA CCATTAATCC ACTATGATCA AGTTGGGGGG AATCTGGTGA1560
25 AGGGTTCTGA ATATCTCCCT CTTCATCCCT CCCGAAATCT GGAATACTTA TTCTATTGAG1620
CTATTACACC AGTTTTAACA CCTTCCTCGT GTTATGTTTA AAAAAATAAA TAAATTTAAG1680
AAAACCATT TAAATAATGA AAAGTTGG 1708

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 532:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2128 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 532

```

CTGTATCCTA ATTTCTTGGT GAATGAAGTC ATTCTTAAAC AGAAGCAAAG ATTTGAGGAA 60
AAGAGGTTCA AATTGGACCA CTCAGTGAGT AGCACCAATG GCCACAGGTG GCAGATATTT 120
55 CAAGATTGGT TGGGAACTGA CCAAGATAAC CTTGATTTGG CCAATGTCAA TCTTATGTTG 180
GAGTTACTAG TGCAGAAGAA GAAACAAGTC GAAGCAGAA CACATGCAGC CCAACTACAG 240
ATTCTTATGG AATTCCTCAA GGTGCAAGA AGAAATAAGA GAGAGCAACT GGAACAGATC 300
CAGAAGGAGC TAAGTGTTTT GGAAGAGGAT ATTAAGAGAG TGAAGAAAT GAGTGGCTTA 360

```

TACTCTCCTG TCAGTGAGGA TAGCACAGTG CCTCAATTTG AAGCTCCTTC TCCATCACAC 420
AGTAGTATTA TTGATTCCAC AGAATACAGC CAACCTCCAG GTTTCAGTGG CAGTTCTCAG 480
ACAAAGAAAC AGCCTTGGTA TAATAGCACG TTAGCATCAA GACGAAAACG ACTTACTGCT 540
CATTTTGAAG ACTTGGAGCA GTGTTACTTT TCTACAAGGA TGTCTCGTAT CTCAGATGAC 600
5 AGTCGAACTG CAAGCCAGTT GGATGAATTT CAGGAATGCT TGTCCAAGTT TACTCGATAT 660
AATTCAGTAC GACCTTTAGC CACATTGTCA TATGCTAGTG ATCTCTATAA TGGTTCCAGT 720
ATAGTCTCTA GTATTGAATT TGACCGGGAT TGTGACTATT TTGCGATTGC TGGAGTTACA 780
AAGAAGATTA AAGTCTATGA ATATGACACT GTCATCCAGG ATGCAGTGGA TATTCATTAC 840
CCTGAGAATG AAATGACCTG CAATTCGAAA ATCAGCTGTA TCAGTTGGAG TAGTTACCAT 900
10 AAGAACCTGT TAGCTAGCAG TGATTATGAA GGCAGTGTTA TTTTATGGGA TGGATTACACA 960
GGACAGAGGT CAAAGGTCTA TCAGGAGCAT GAGAAGAGGT GTTGGAGTGT TGACTTTAAT1020
TTGATGGATC CTAAACTCTT GGCTTCAGGT TCTGATGATG CAAAAGTGAA GCTGTGGTCT1080
ACCAATCTAG ACAACTCAGT GGCAAGCATT GAGGCAAAGG CTAATGTGTG CTGTGTTAAA1140
TTCAGCCCCT CTTCCAGATA CCATTTGGCT TTCGGCTGTG CAGATCACTG TGTCCACTAC1200
15 TATGATCTTC GTAACACTAA ACAGCCAATC ATGGTATTCA AAGGACACCG TAAAGCAGTC1260
TCTTATGCAA AGTTTGTGAG TGGTGAGGAA ATTGTCTCTG CCTCAACAGA CAGTCAGCTA1320
AAACTGTGGA ATGTAGGGAA ACCATACTGC CTACGTTCTT TCAAGGGTCA TATCAATGAA1380
AAAAACTTTG TAGGCCTGGC TTCCAATGGA GATTATATAG CTTGTGGAAG TGAAAATAAC1440
TCTCTCTACC TGTACTATAA AGGACTTTCT AAGACTTTGC TAACTTTTAA GTTTGATACA1500
20 GTCAAAAGTG TTCTCGACAA AGACCGAAAA GAAGATGATA CAAATGAATT TGTTAGTGCT1560
GTGTGCTGGA GGGCACTACC AGATGGGGAG TCCAATGTGC TGATTGCTGC TAACAGTCAG1620
GGTACAATTA AGGTGCTAGA ATTGGTATGA AGGGTTAACT CAAGTCAAAT TGTACTTGAT1680
CCTGCTGAAA TACATCTGCA GCTGACAATG AGAGAAGAAA CAGAAAATGT CATGTGATGT1740
CTCTCCCCAA AGTCATCATG GGTTTTGGAT TTGTTTGA TATTTTTTTC TTTTTTCTT1800
25 TTCCCTCCTT TATGACCTTT GGGACATTGG GAATACCCAG CCAACTCTCC ACCATCAATG1860
TAACTCCATG GACATTGCTG CTCTTGGTGG TGTATCTAA TTTTTGTGAT AGGGAACAA1920
ATTCTTTTGA ATAAAAATAA ATAACAAAAC AATAAAAGTT TATTGAGCCA CAAAAAAA1980
AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA ACAAAGAGA AAACAAAGGT TACGAAGTAG CATATGTGAA2040
CTATAATGTA ACAGTGAATA ATTTGTAAAG TTCGTATTTT CCAACCTCTT TGGGAATTAC2100
30 ACATATCAAT ATAAACAAAA TATAAAGT 2128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 533:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
35 (A) LÄNGE: 2640 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 533
- 55 CTAGCAAGCA GGTAACGAG CTTTGTACAA ACACACACAG ACCAACACAT CCGGGGATGG 60
CTGTGTGTTG CTAGAGCAGA GGCTGATTAA AACTCAGTG TGTTGGCTCT CTGTGCCACT 120
CCTGGAAAAT AATGAATTGG GTAAGGAACA GTTAATAAGA AAATGTGCCT TGCTAACTGT 180

GCACATTACA ACAAAGAGCT GGCAGCTCCT GAAGGAAAAG GGCTTGTGCC GCTGCCGTTTC 240
AAACTTGTCA GTCAACTCAT GCCAGCAGCC TCAGCGTCTG CCTCCCCAGC ACACCCTCAT 300
TACATGTGTC TGTCTGGCCT GATCTGTGCA TCTGCTCGGA GACGCTCCTG ACAAGTCGGG 360
AATTTCTCTA TTTCTCCACT GGTGCAAAGA GCGGATTTCT CCTTGCTTCT CTTCTGTCAC 420
5 CCCCCTCCT CTCCCCCAGG AGGCTCCTTG ATTTATGGTA GCTTTGGACT TGCTTCCCCG 480
TCTGACTGTC CTTGACTTCT AGAATGGAAG AAGCTGAGCT GGTGAAGGGA AGACTCCAGG 540
CCATCACAGA TAAAAGAAAA ATACAGGAAG AAATCTCACA GAAGCGTCTG AAAATAGAGG 600
AAGACAACT AAAGCACCAG CATTGAAGA AAAAGGCCTT GAGGGAGAAA TGGCTTCTAG 660
ATGGAATCAG CAGCGGAAAA GAACAGGAAG AGATGAAGAA GCAAAATCAA CAAGACCAGC 720
10 ACCAGATCCA GGTTCCTAGAA CAAAGTATCC TCAGGCTTGA GAAAGAGATC CAAGATCTTG 780
AAAAAGCTGA ACTGCAAATC TCAACGAAGG AAGAGGCCAT TTTAAAGAAA CTAAAGTCAA 840
TTGAGCGGAC AACAGAAGAC ATTATAAGAT CTGTGAAAGT GGAAAAGAGAA GAAAGAGCAG 900
AAGAGTCAAT TGAGGACATC TATGCTAATA TCCCTGACCT TCCAAAGTCC TACATACCTT 960
CTAGTTAGA GAAGGAGATA AATGAAGATA TGAACAAAAT AGGAAAGGCTT1020
15 TATATGCCAT GGAAATTAAA GTTGA AAAAG ACTTGAAGAC TGGAGAAAAGT ACAGTTCTGT1080
CTTCCAATAC CTCTGGCCAT CAGATGACTT TAAAAGGTAC AGGAGTAAAA GTTTAAGATG1140
ATGGGCAAAA GTCCAGTGTA TTCAGTAAAG TGCTAATCAC AAGTTGGAGG TCAATGGCAC1200
CGATGGCCTG GCACCAGTTG AAGTAGAGGA ACTTCTAAGA CAAGCCTCAG AGAGAAACTC1260
TAAATCCCCA ACAGAGTATC ATGAGCCTGT ATATGCCAAT CCCTTTTACA GGCCTACAAC1320
20 CCCACAGAGA GAAACGGTGA CCCCTGGACC AAACCTTTCAA GAAAGGATAA AGATTTAAAC1380
TAATGGACTG GGTATTGGTG TAAATGAATC CATAACAAAT ATGGGCAATG GTCTTTTACA1440
GGAAAGGGGA AACAACTTCA ATCAGATCAG TCCCATTCGG CCAGTGCCTC ATCCCCGATC1500
AGTGATTCAA CAAGCAGAAG AGAAGCTTCA CACCCCGCAA AAAAGGCTAA TGAATCCTTG1560
GGAAGAATCG AATGTCATGC AGGACAAAGA TGCACCTCT CCAAAGCCAA GGCTGAGCCC1620
25 CAGAGAGACA ATATTTGGGA AATCTGAACA CCAGAATTCT TCACCCACTT GTCAGGAGGA1680
CGAGGAAGAT GTCAGATATA ATATCGTTCA TTCCCTGCCT CCAGACATAA ATGATACAGA1740
ACCGGTGACA ATGATTTTCA TGGGGTATCA GCAGGCAGAA GACAGTGAAG AAGATAAGAA1800
GTTTCTGACA GGATATGATG GGATCATCCA TGCTGAGCTG GTTGTGATTG ATGATGAGGA1860
GGAGGAGGAT GAAGGAGAAG CAGAGAAACC GTCCTACCAC CCCATAGCTC CCCATAGTCA1920
30 GGTGTACCAG CCAGCCAAAC CAACACCACT TCCTAGAAAA AGATCAGAAG CTAGTCCTCA1980
TGAAAACACA AATCATAAAT CCCCCACAA AAATTCATA TCTCTGAAAG AGCAAGAAGA2040
AAGCTTAGGC AGCCCTGTCC ACCATTCCCC ATTTGATGCT CAGACAACTG GAGATGGGAC2100
TGAGGATCCA TCCTTAACAG CTTTAAGGAT GAGAATGGCA AAGCTGGGAA AAAAGGTGAT2160
CTAAGAGTTG TACCACCTAT ATAAACATCC TTTGAAGAAG AAATAAGAA GCATTGCAA2220
35 ATTTCTCTTC TGGATATTTT GTTTATTTT TCTGAAGTCC AAAAAATTAT CATTACAGTG2280
TACCATATTA AGCCATGTGA ATAAGTAGTA GCATTATTT GTGAAAAATT CCAAAAAGC2340
TGGGGAAAAC AAATGTGTAA CTTTCCAGT TACTTGACAC GATTGAGTGG GGGAAAACCA2400
GCATTTTTTA TTCTATTGAT ACCAAAGCAT TTCTAATAAG AGCTTGTTAA ATTTAAGAAT2460
AAAGTTATTT AAAATATTCT GAGTATAGTA TATTAAGTGG CATTGTAATT TTGATGATAC2520
40 AAAGATTGAA AGATCATAGG AAAGCATTGC CCTTCATCAC AGAAGTATTC AACTCTGACA2580
AATAAATATG TCATCCTGAA TTAATAATGC CTTAATAAAA GTACATCCTC CTGCTAAAAA2640

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 534:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1245 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 534

10 TGCAGCGCGT GCGTGCTGCG CTACTGAGCA GCGCCATGGA GGACTCTGAA GCACTGGGCT 60
TCGAACACAT GGGCCTCGAT CCCC GGCTCC TTCAGGCTGT CACCGATCTG GGCTGGTCCG 120
GACCTACGCT GATCCAGGAG AAGGCCATCC CACTGGCCCT AGAAGGGAAG GACCTCCTGG 180
CTCGGGGCCG CACGGGCTCC GGAAGACGG CCGCTTATGC TATTCCGATG CTGCAGCTGT 240
TGCTCCATAG GAAGGCGACA GGTCGGGTGG TAGAACAGGC AGTGAGAGGC CTTGTTCTTG 300
TTCCTACCAA GGAGCTGGCA CGGCAAGCAC AGTCCATGAT TCAGCAGCTG GCTACCTACT 360
GTGCTCGGGA TGTCCGAGTG GCCAATGTCT CAGCTGCTGA AGACTCAGTC TCTCAGAGAG 420
15 CTGTGCTGAT GGAGAAGCCA GATGTGGTAG TAGGGACCCC ATCTCGCATA TTAAGCCACT 480
TGCAGCAAGA CAGCCTGAAA CTTCGTGACT CCCTGGAGCT TTTGGTGGTG GACGAAGCTG 540
ACCTTCTTTT TTCCTTTGGC TTTGAAGAAG AGCTCAAGAG TCTCCTCTAG TCACTTGCCC 600
CGGATTTACC AGGCTTTTCT CATGTCAGCT ACTTTTAACG AGGACGTACA AGCACTCAAG 660
GAGCTGATAT TACATAACCC GGTTACCCTT AAGTTACAGG AGTCCCAGCT GCCTGGGGCA 720
20 GACCAGTTAC AGCAGTTTCA GGTGGTCTGT GAGACTGAGG AAGACAAATT CCTCCTGCTG 780
TATGCCCTGC TCAAGCTGTC ATTGATTCGG GGCAAGTCTC TGCTCTTTGT CAACACTCTA 840
GAACGGAGTT ACCGGCTACG CCTGTCTTGA GAACAGTTCA GCATCCCCAC CTGTGTGCTC 900
AATGGAGAGC TTCCACTGCG CTCCAGGTGC CACATCATCT CACAGTTCAA CCAAGGCTTC 960
TACGACTGTG TCATAGCAAC TGATGCTGAA GTCCTGGGGG CCCCACGTCA ACGGGCAATG1020
25 CGACCCCGGC GACGAGCCAA AACGGGGACA ATGGCCTCTC GATTCTGGA ACGCACGGTC1080
GTGGCCCTGG GGCCTAGAC CTTCCACCAT CGTGTCTGCA TGTGCTCAAC TTTTGATCTT1140
CCCCCCAAC CCTGAGGCC TAACATCCAT CGAGCTTGGC AGGACAGCAA CGCGCTAACA1200
ACCCAGGGCA TAGGTCTTAA CCTTTGGTGC TTTCCACGG AGGCG 1245

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 535:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 822 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 535

55 AAGATCGGTC TTTGTCCTTA TCCTTATCCT TATTCTAATG GCAGTTAGAT GCNNTTCTTT 60
AGAGGGGGCA ATGAGACAGC CAGGTGGGAA GGGGTCCCCA GAGAACTCC AGCCTGCACA120
CTGGGAGGAG TGTGCACTGG GGTGAAGCCA CCGGAAGTTT GCGCCATCTC CAGTGGGGAA180

GAGCCCAGCC CCTCCTCTTC CTGGGTGGGA AACTGCGATT CAACTGCCA GGTGGGAAGT240
CCATGGGCAG GAAACAGGCT CTCGNTTTC TAAGAGTCTC TGTTTCCCC TTTTTCCTT300
TATGCCTAAT TAATAAATTC CATTTTCTC ACCCTTCAA CAGCCTGTGA GCCTAAATTT360
TTGTGGCCAT GGGACAGACA AGGACCCCGT CTTCAGCTGA ACTAAGGAGA AAGTCCCCAA420
5 ACAATGGGAA GAAAGGCAGG GAGTAGACAT CCAATTTCTT GCGTGGATT GTGGAGGGT480
ACCATGGTTC TGACCAGATG TGTATCAGGA GCTGTGTTGC AGGAAGTCTC AGGAATGAAG540
TTGATAGCTT TCTTTCCATC ACATGATGAC TGAAAAGACG AAGGCATCTA ATGAGTTAGA600
GTCACACCAT CTCATGCCTG TATACTATCA AACAACTTTT GGAAGCTAG CCTTGGTTGG660
GAAAACATCA TTTCTTAACT GAATGCCTGG ATGCAAGCAA AGTCTCATTC TTGATCATGA720
10 TGAGGTTTAC CATGTCTTCT TGACAGGATC CTGCAAACAA ACCCACAATT GCTACTATGA780
CATGCAACTC CATGGTTAAT TCCTTGGATA GCAAATAGCT CG 822

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 536:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2703 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
30 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 536

AGTTCGGCAC AGGGGGAGGA ACCTGGCCCT GGGAGGAGGC TGTTGCGTGC TCCTAGAGAA 60
TCCGTTCTG AAGGGAAGAG CATGTTTTCG GCGTCCCCA CCATGCGTGA GAGTCCCCC 120
AAACAGTACA TGCAGCTCGG AGGCAGGGTC TTGCTGGTTC TGATGTTTAT GACCCTCCTT 180
40 CACTTTGACG CCAGCTTCTT TTCTATTGTC CAGAACATCG TGGNGCAGAN GCTCTGATGA 240
TTTTNAGTGG CCATTGGTTT TAAAACCAAG CTGGCTGCTT TGAATCTTGT TGTGTGGCTC 300
TTTGCCATCA ACGTATATTT CAACGCCTTC TGGACCATT CAGTCTACAA NGCCCATGCA 360
TGAATTCNTT GAAATACGAC NTTCTTCCAG ACCATGTCGG TGATTGGGGG CTGCTCCTG 420
GNTGGNTGGC CCTGGGCCCT NGGGGGTGTC TCCATGGATG AGAAGAAGAA GGAGTGGTAA 480
45 CAGTCACAGA TCCCTACCTG CCTGGCNTNA AGACCCNGTN GGCCGTCAAG GNACTGGNTT 540
CNGGGGTGGA TTCAACNAAA ANCTGNCCAG CTTTTNATGT ATCCTCTTCC CTCCCCCTCC 600
CTTGGTAAAG GCACAGATGT TTTGAGAANC TTTATTTGCA GAGACACCTG AGAATNCGAT 660
GGNCTCAGTC TGCTCTGGAG CCACAGTCTG GCGTCTGACC CTTAGTNGC AGGCCNAGCC 720
TGGCANGCTG GNAAGCCNTC CCCCACGCC GAGGCTTTNG GNAGTGAANC AGNCCCCTT 780
50 NGGNTCTGGG CATCNTCAGT CCNTATTTTT GAGTTTTTTT GTGGGGGTAN NCAGGAGGGG 840
GCCTTCAAGC TGTACTGTGA NGCAGACGCA NTTGGTATTA TCATTCAAAG CAGTCTCCCT 900
CTTNATTGTG AAGTTTNACA TTTTNNAGC GGAAACTACT AAATTATTTT GGGNTGGTTC 960
AGCCAAACCT CAAAACAGTT AATCTCCNT GGNTTTNAAA ATCACACCAG TGGNCTTTNG1020
ATGTTGTTTC TGCCCCGCAT TNGTATTTTA TAGGNNATA GTGAAAACAT TTAGGNNACA1080
55 CCAANAGAA TGATNGCAGT ATTAAGGGG TGGTAGAAGC TGCTGTTTAT GATAAAGTC1140
ATCGGTCAGA AAATCAGCTT GGATTNGGTG CCAAGTGNNN TTTTATTGGG TAACACCCTG1200
GGAGTTTGTAG TAGCTTGAGG CAAGGTGGAG GGGCAAGAAG TCCTTGGGGA AGCTGCTGGT1260
CTGGGTNGCT NGCTGGCCTC CAAGCTGGCA GTGGGAAGGG CTAGTGNAAG CCACACANGG1320

GGTAGCCCCN AGCAGCAGCA CCCTGCAANG CCAGCCNTGG CCNAGCTNNG CTCNAGACCA1380
GCNTTNGCAG ANGCCGCAGN CCGCTGTNNG GGCANGGGGG TGTNNGCAGG AGCTCCCNAG1440
CACTNNGNAG ACCCACGGAC NTCAACCCAG TTNACCTCAC ATGGGGCCNT TTTCNTGAGC1500
AAGGTCTNCG AAAGCGCAGG CCGCCCTGGN CTGAGCAGCA CCGCCCTTTC CCAGCTGCAC1560
5 TCGCCCTGTG GACAGCCCCG ACACACCANC TTTCCTNGAG GCTGTCGCTC ACTCAGATTG1620
TCCGTTTGCT ATGCCGAATG CAGCCAAAAN TTCCTTTTTC CAATTTGTGA TGCCTTACCG1680
ATTTGATCTT AATCCTGTAT TTAAAGTTTT CTAACACTGN NCCTTAAACT GTGTTTCTCT1740
TTTTGGGGGA GCTTAACTGC TTGTTGCTCC CTGTCGCTCN GCACCATAGT AAATGCCACA1800
AGGGTAGTCG AACACCTCTC TGGCCCTTAG ACCTATCTGG GGACAGGCTG GCTCAGNCTG1860
10 TCTNCCANGG GCTGCTGCGG CCCAGCCCCG AGCCTGCCTC CCTCTTGGNC CTCTCATCCA1920
TTGGNCTCTG CAGGGCANGG GGTGAGGCAG GTTCTNNGCN TCATAAGTGC TTTTNGGAAG1980
TCACCTACCT TTTTAACACA GCCGAAC TAN GTCCCAACGC GNTTTGCAAA TATTCCTN2040
GGTAGCCTAC TTNCCTTANC CCCC GAANTA TTGGTAAGAT CGAGCAATGG NNCTTACGA2100
NCATNNGGGT CTCTTCTCCT GTGATCATTN CAAGTGCTCA CTGCNATNGA ANGACTNNGC2160
15 TTGNTCNTCA GTGTTTCNAA CCTNACCAG GGCNTGTCTC TTGGTCCACN ACCTCGCTCC2220
CTGTTAGTGC CGTATGACAG CCCCCNATCN AAATGACCTT GGCCNAAGTN CACNGGTTTC2280
TCTGTGGTNC AAGGTTGGTT GGCTGATTGG TGGAAANGTN AGGGTGNGAC CNAANGGAG2340
GNCCACGTGA NGCAGNTCNA GCACCANNGT TNCTGCANCC AGCAGCNGCC TCCGTNCCTA2400
GTGGGTGTTN CCTNGTTTCN TNCCTGGCCC NTGGGTNGGG CTNAGGGNCC TGATTCCGGN2460
20 AANGATGCCT TTGNCANGGG AGGGGAGGAN TAAGTGGGAT CTACCNAANT TNGATTCTGG2520
CAAAACAANT TTCTAAGANT TTTTTTGCTT TATGTGGGNA AACAGATCTA AATCTCATTT2580
TATGCTGTAT TTTATATCNT TNAGTTGTGT TTGAAAACNG TTTNTGATTT TTGAAAACAC2640
ATCAAAATAA ATAATGGCGT TTGTTGTAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA2700
AAA 2703

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 537:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 2664 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 537

50 CTCCCAGGGA GTGCTGAGTA GTGATGGTGT CTGGAGGGTC AAATCCATTC CCAATGGCAA 60
AGGTTCTCA CCACTCCCCA CCGCTACAAC TCCAAAACCA CTTATCCCTA CAGAGGCCAG 120
CATCAGGGTC TGGGGCACGA CGGCGACGAG CCATCTCCAT CCCC GGAGCA TCTGTATGAT 180
TCAGAAGTAC AACCACGATG GGAAGCAGG TCGGCTGGAG GCTTTTAGCC AAGGGGAAAG 240
TGTCCTAAAG GAACCAAGT ACCAGGAAGA GCTGGAGGAC AGGCTGCATT TCTACGTGGA 300
55 GGAATGTGAC TACTTGCAGG GCTTCCAGAT CCTGTGTGAC CTGCACGATG GCTTCTCTGG 360
GGTAGGCGCG AAGGCGGCAG AGCTGCTACA AGATGAATAT TCAGGGCGGG GAATAATAAC 420
CTGGGGCCTG CTACCTGGTC CCTACCATCG TGGGGAGGCC CAGAGAAACA TCTATCGTCT 480
ATTAAACACA GCTTTTGGTC TCGTGACCT GACTGCTCAC AGCTCTCTTG TCTGCCCTT 540

GTCCTTGGGT GGGAGCCTGG GCCTGCGACC CGAGCCACCT GTCAGCTTCC CTTACCTGCA 600
TTATGATGCC ACTCTGCCCT TCCACTGCAG TGCCATCCTG GCTACAGCCC TGGACACAGT 660
CACTGTTCCCT TATCGCCTGT GTTCCTCTCC AGTTTCCATG GTTCATCTGG CTGACATGCT 720
GAGCTTCTGT GGGAAAAAGG TGGTGACAGC AGGAGCAATC ATCCCTTTCC CCTTGGCTCC 780
5 AGGCCAGTCC CTTCTGATT CCCTGATGCA GTTTGGAGGA GCCACCCCAT GGACCCCACT 840
GTCTGCATGT GGGGAGCCTT CTGGAACACG TTGCTTTGCC CAGTCAGTGG TGCTGAGGGG 900
GTATAGACAG AGCATGCCAC ACAAGCCACA GAACCAAAGG GACACCTCCA CCCTCTGCCC 960
TTCATGCATG TACCACTGGG GAAGAAATCT TGGCTCAGTA TTTACAACAG CAGCAGCCTG1020
GAGTCATGAG TTCTTCCCAT CTGCTGCTGA CTCCCTGCAG GGTGGCTCCT CCTTACCCCT1080
10 ACCTCTTCTC AAGCTGCAGT CCACCGGGTA TGGTTCTGGA TGGTTCCCCC AAGGGAGCAG1140
GTCCTCTGTT TCCCTCTCCC TTCCACAGCA GTGGAGAGCA TCCCACTGTT TGGGGCACTG1200
TGTTCTCTT CGTCCCTGCA CCAGACCCTG GAAGCCTTGG CCAGAGACCT CACCAAACCT1260
GACTTGCAGC CTGGGCCAG CTTTCATGGT GCTGGAGTGG AGCACGATGA CGTACAGAG1320
CTGCTGCAGG AGCTACAAAG CCTGGCCAG TGCTACCAGG GTGGTGACAG CCTCGTGGAC1380
15 TAAAGTTCCT AGTGTGGGAG AAAGGAGCTA GTTTGCAATA AAAACAGCTG GATGCAGGAG1440
CCCAGTGTCT TCATGCAGAG GAGCTCAATG TCGCGGGACT AGCTACACCA ACATATGCAC1500
TTTTTACATT TAGAAACACT GTGATTAGAC CACAGAACAA TAAATATGTG CCATCAGACC1560
AAAAAAAAGT AGAGAAAGGA GCTGAACTCC ACTCTCGATG CTATTTACAG AGGACATCTG1620
TAAAGTCTT ATAAAAGACC TTGAATGATG CCTAGGATGG CAGAGCCCTT GGGTCCTACT1680
20 CCATCCTCCA GCCTTTGTCC TTGTCTGTCC CTCTGCTCT CCAGATCTGT AAAGTGGGCT1740
CAAGGACTGT ACAAGCAGAG TACCACTACC CCTCCCCGG TGCCAGGGCG CCTGTTGGGT1800
TTGGTCTCTG GTAGATGATT CCCAGAGTCT CATTATCCA GCTCCTCTTC AGACAGAAGG1860
TCCCCATGGT CAGACAGCTG GTCTGCATTG CTGGTACTGG TTGCATCATC CTCATCCTCA1920
GAGCTGGCTT CACAGGCAGT GTGGAAGAGC TGCAATGAGT CTCGAAAACG GTGGGAAACC1980
25 TCAGCAGGGG TCTTATTTCC CAGCTGCTGG GAGATGATGT TGAAGGTCTG TGGCTGTGCC2040
CCTTGCTCCT GGCACATGGT GAGGATCACA CGGTCAGCTT CCCTTGTTCCA CAGGACAACC2100
TTTTCCCCAG TGGAGCTGAC CTTGCTGTTG TTGGCACACA CCGTAGCTTC TGCGGCCCTT2160
GGCTGCTGCT CCCCCTCTGG ACCCTTGCC TGTTGTTCCAC TGCTTTAGC CAAACCCCT2220
CTAGGGGCTT TGGGAGAAGT CTCTGAGGTG TCAATTCTCTG ATGGAGATTC ATGGACAGGG2280
30 CACGTCTCTG CTCTTGCTCT CACCCTAGCT CTGCTTGAGG GCAGCCATCT CTCTTGAGTG2340
TCTGGTTTCC CGGACACATG TCTTCTCCCT GCATCTCTGG TCTTTGAGGA AACAGGACTC2400
AGGAAGGAAG CAGGGGGTTC CACGGTACCA GGCAATTTCT CAGTTTCTGA TGCATCCAG2460
ACCAGCATCA AAGCCTCTGA CTCCTCACT GCCTTTTGGC CCTCCCTCTC TTTCTGAAGT2520
CTGGGGGATG CCTTGGGGCA GGAGCGAACC TCAGGCCCAA CCTGGTTTCT CTTAACAGTG2580
35 TACAGTACAG CTCCAGTTGT GGGGGGAAAT TGAGGAGTCT CTGGTGAATG AGGTGGTGGG2640
CCATCCAGGA GGAGCCGTTT TGTA 2664

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 538:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3888 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 538

GAATTCCCGC CCGGACTGAC GGAGCCCACT GCGGTGCGGG CGTTGGCGCG GGCACGGAGG 60
5 ACCCGGGCAG GCAGCGCAAG CGACCCCGAG CGGAGCCCCG GAGCCATGGC CCTGAGCGAG 120
CTGGCGCTGG TCCGCTGGCT GCAGGAGAGC CGCCGCTCGC GGAAGCTCAT CCTGTTCATC 180
GTGTTCTCTG CGCTGCTGCT GGACAACATG CTGCTCACTG TCGTGGTCCC CATCATCCCA 240
AGTTATCTGT ACAGCATTAAC GCATGAGAAG AATGCTACAG AAATCCAGAC GGCCAGGCCA 300
GTGCACACTG CCTCCATCTC AGACAGCTTC CAGAGCATCT TCTCTATTA TGATAACTCG 360
10 ACTATGGTCA CCGGGAATGC TACCAGAGAC CTGACACTTC ATCAGACCGC CACACAGCAC 420
ATGGTGACCA ACGCGTCCGC TGTTCCTTCC GACTGTCCCA GTGAAGACAA AGACCTCCTG 480
AATGAAAACG TGCAAGTTGG TCTGTTGTTT GCCTCGAAAG CCACCGTCCA GCTCATCACC 540
AACCCTTTCA TAGGACTACT GACCAACAGA ATTGGCTATC CAATTCCCAT ATTTGCGGGA 600
TTCTGCATCA TGTGTGTCTC AACAAATTATG TTTGCCTTCT CCAGCAGCTA TGCCTTCCTG 660
15 CTGATTGCCA GGTCGCTGCA GGGCATCGGC TCGTCTGCT CCTCTGTGGC TGGGATGGGC 720
ATGCTTGCCA GTGTCTACAC AGATGATGAA GAGAGAGGCA ACGTCATGGG AATCGCCTTG 780
GGAGGCTTGG CCATGGGGGT CTTAGTGGGC CCCCCCTCG GGAGTGTGCT CTATGAGCTTT 840
GTGGGGAAGA CGGCTCCGTT CCTGTGCTG GCCGCCCTGG TACTCTTGA TGGAGCTATT 900
CAGCTCTTTG TGCTCCAGCC GTCCCGGGTG CAGCCAGAGA GTCAGAAAGG GACACCCCTA 960
20 ACCACGCTGC TGAAGGACCC GTACATCCTC ATTGCTGCAG GCTCCATCTC CTTTGCAAAC1020
ATGGGCATCG CCATGCTGGA GCCAGCCCTG CCCATCTGGA TGATGGAGAC CATGTGTTCC1080
CGAAAGTGGC AGCTGGGCGT TGCCTTCTTG CCAGCTAGTA TCTCTTATCT CATTGGAACC1140
AATATTTTGG GGATACTTGC ACACAAAATG GGGAGGTGGC TTTGTGCTCT TCTGGGAATG1200
ATAATTGTTG GAGTCAGCAT TTTATGTATT CCATTCCAA AAAACATTTA TGGACTCATA1260
25 GCTCCGAATC TTGGAGTTGG TTTTGCAAAT GGAATGGTGG ATTCGTCAAT GATGCCATC1320
ATGGGCTACC TCGTAGACCT GCGGCACGTG TCCGTCTATG GGAGTGTGTA CGCCATTGCG1380
GATGTGGCAT TTTGTATGGG GTATGCTATA GGTCTTCTG CTGGTGGTGC TATTGCAAAG1440
GCAATTGGAT TTCCATGGCT CATGACAATT ATTGGGATAA TTGATATTCT TTTTGCCCC1500
CTCTGCTTTT TTCTTCGAAG TCCACCTGCC AAAGAAGAAA AAATGGCTAT TCTCATGGAT1560
30 CACAACCTGC CTATTAATAA AAAAATGTAC ACTCAGAATA ATATCCAGTC ATATCCGATA1620
GGTGAAGATG AAGAACTCTGA AAGTGACTGA GATGAGATCC TCAAAAATCA TCAAAGTGT1680
TAATTGTATA AAACAGTGT TCCAGTGACA CAACTCATCC AGAAGTGTCT TAGTCATACC1740
ATCCATCCCT GGTGAAAGAG TAAAACCAAA GGTATTATT TCTTTTCCAT GGTATGGTC1800
GATTGCCAAC AGCCTTATAA AGAAAAAGAA GCTTTTCTAG GGGTTTGTAT AAATAGTGT1860
35 GAAACTTTAT TTTATGTATT TCATTTTATT AAATATCATA CAATATATTT TGATGAAATA1920
GGTATTGTGT AAATCTATAA ATACTTGAAT CCAAACCAAA TATAATTTT TAACTTACAT1980
TAACAAACAT TTGGGCAAAA ATCATATTGG TAATGAGTGT TTAATTTAA AGCACACATT2040
ATCTCTGAGA CTCTTCCAAC AAAGAGAAAC TAGAATGAAG TCTGAAAAAC AGAATCAAGT2100
AAGCAGACAT GTTATATAGT GACACTGAAT TGTATTAACT TTGTAGTTAC TATCAATATA2160
40 TTTATGCGTT AAACAGCTAG TTCTCTCAAG TGTAAGAGGAC AAGAAGTGT GTGAGTTATC2220
TTTTGAATCC ATAAATCTTA GCTGGCATTG GTTTTCTATG TAATCACCTA CCTAGAGAGA2280
GTTGTAAATT ATATGTTAAC ATGTTATCTG GTTGGCAGCA AACACTAAAG CCAATAAAGG2340
AAAAACAGTA AATGTTCCGA AAGCAGAGAA AAGCAACCAA ACATATTGTT ATGAACTAAA2400
AGCTTTCCCT TTAAGATGCA TACTTGCTCT ACTGGATGAA GAAAATTGAG GGTACATGTA2460
45 CCTTATACTG TCAAGGTTGT TTAACATGTA TAAGGTTAAT CGCCATCTAC TTCAAGTTT2520
AGAAAAGGAA ACAAGAAGCT AAAAACAGCT GCTCTGACTT TAATATCTGA CTATATCTTT2580
GATCTGTTTG CAGGTCATCC AAGTGTTTTC TAGGAATATA TTTATTTTGT GTTGTCTGAA2640
ACTACTATTT TTTAGACTCC TGAAAGTTGT TCACATCAAT GTGAAGACAA ATTTTAAATG2700
AAAATGAAGA ATGAAATTAT GTCTTGAATC ATATATTAAG AAGTAAAAAT AATAGTGATC2760
50 AGGCAGAAAA GAAAAATGGA ACATCTAAAA ATGTATGTGC TAACTATATC ATCCAGTGTG2820
CAGTGTTGTG TATTTTCTTA AGCATGACAA CATTGATGTG CCTTTTCAGT GTAACAGCAA2880
ATACTGTTAG TGAACATTGT CAATTTATGT CATTTTGTTA AGAGATATGA CTGGAGTGTG2940
CAGTGTGGAA TGTCTCTAAT ACTACTTGAG AATCCTGCAG TTTCTATAATC ATAAACAAA3000
ATTACTTAGT TTGCTTAAGC TAAGATTGTG TTTGTGTTAA CTTTCGACATC AAGGAGCAA3060
55 GAACTTTAGA ACAGACTCCT CAATCTGTG ACTTTCTTAT TCTCTAGGAA AGTAACACTT3120
CGTTTCATGA AGCTTTTCTG TGGGGCTTCG ATTATTTCAA GTCTGGTTTC TAAGTGCAGT3180
GTGTTTGAAG CAAACGAACT TCCAACCTAC TTATTTGGCA TTGGGCAACT TGGCCAAGTC3240
TGCTACTTTG GAAGATGGCT CTGGAGGAAA CTCTCATATG GCTAAAAAGG CAGGCTAGTT3300
TCTTACTTCT ACAGGGGTAG AGCCTTAAAA AAGAACGTGC TACAAATTGG TTCTCTTTGA3360
60 GGGTTTCTGG TTCTCCCTGC CCCCATAACC ATATACTTTA TTGCAATTTT ATTTTGCCT3420
TTACGGCTCT GTGTCTTTCT GCAAGAAGG CTGGCAAAGG TATGCCTGCT GTTGTCCCT3480
CGGGATAAGA TAAAATATAA ATAAACCTT CAGAACTGTT TTGGAGCAAA AGATAGCTTG3540

TACTTGGGGA AAAAAATTCT AAGTTCTTTT ATATGACTAA TATTCTTGGT TAGCAAGACT3600
GGAAAGAGGT GTTTTTTTAA AATGTACATA CCAGAACAAA GAACATACAG CTCTCTGAAC3660
ATTTATTTTT TGAACAGAGG TGGTTTTTAT GTTTGGACCT GGTAATACAG ATACAAAAAC3720
TTTAATGAGG TAGCAATGAA TATTCAACTG TTTGACTGCT AAGTGTATCT GTCCATATTT3780
5 TAGCAAGTTT ACTTAATAAA TCTTCTGAAC CATGTTTGT GCCTGTTTGT ATTCTTTTAT3840
AAACCAAATG TTGTTGGAAT AAAATACATA AGGTATCATT TTGACCGT 3888

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 539:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3304 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 539

AAACCCTCTT GGCTGTCTGC TGTCCAGGGA GTCGCCACTC CCTTCATTAT AGCCTTGCTC 60
AGAGTGCAGC GGCAGGCCTG GGGATGGCCT CGGGAGAGGG ACCACAGAGC ACCAGCCTGC 120
ATGGAACCTC CTTCTCACT CAGCTTCCCA CGTTGCCAGC TGGGACAGGG GAGATGGAGT 180
35 AATTTTGCTG TGGAAAGACT TCACGTCTG CCGAATGAAA GTCCCGCCTG TCTGTCACGC 240
TGATGCCCGT GCAGCTGTCT GAGCACCCTG AATGGAATGA GTCTATGCAC TCCCTCCGGA 300
TCAGTGTGGG GGGCCTTCCT GTGCTGGCGT CCATGACCAA GGCCGCGGAC CCCCCTTCC 360
GCCCCGCTG GAAGGTGATC CTGACGTTCT TTGTGGGTGC TGCCATCCTC TGGCTGCTCT 420
GCTCCACCG CCCGGCCCCC GGCAGGCCCC CCACCCACAA TGCACACAAC TGGAGGCTCG 480
40 GCCAGGCGCC CGCCAACTGG TACAATGACA CCTACCCCT GTCTCCCCCA CAAAGGACAC 540
CGGCTGGGAT TCGGTATCGA ATCGCAGTTA TCGCAGACCT GGACACAGAG CCAACCGCCC 600
AAGACGAAAA CACCTGGCGC AGCGACCTGA AAAAGGGCTA CCTGACCCTG TCAGACAGTG 660
GGGACAAGGT GGCCGTGGAA TGGGACAAAG ACCATGGGGT CCTGGAGTCC CACCTGGCGG 720
AGAAGGGGAG AGGCATGGAG CTATCCGACC TGATTGTTTT CAATGGGAAA CTCTACTCCG 780
45 TGGATGACCG GACGGGGGTC GTCTACCAGA TCGAAGGCAG CAAAGCCGTG CCCTGGGTGA 840
TTCTGTCCGA CGGCGACGCG ACCGTGGAGA AAGGCTTCAA GGCCGAATGG CTGGCAGTGA 900
AGGACGAGCG TCTGTACGTG GCGGCGCTGG GCAAGGAGTG GACGACCACT ACGGGTGATG 960
TGGTGAACGA GAACCCGGAG TGGGTGAAGG TGGTGGGCTA CAAGGGCAGC GTGGACCACG1020
AGAACTGGGT GTCCAACTAC AACGCCCTGC GGGCTGCTGC CGGCATCCAG CCGCCAGCTA1080
50 ACCTCATCCA TGAGTCTGCC TGCTGGAGTG ACACGCTGCA GCGCTGGTTC TTCCTGCCGC1140
GCCGCGCCAG CCAGGAGCGC TACAGCGAGA AGGACGACGA GCGCAAGGGC GCCAACCTGC1200
TGCTGAGCGC CTCCCCTGAC TTCGGCGACA TCGCTGTGAG CCACGTCGGG GCGGTGGTCC1260
CCACTCACGG CTTCTCGTCC TTCAAGTTCA TCCCAACAC CGACGACCAG ATCATTGTGG1320
CCCTCAAATC CGAGGAGGAC AGCGGCAGAG TCGCCTCCTA CATCATGGCC TTCACGCTGG1380
55 ACGGGCGCTT CCTGTTGCCG GAGACCAAGA TCGGAAGCGT GAAATACGAA GGCATCGAGT1440
TCATTTAACT CAAAACGGAA AACTGAGCA AGGCCATCAG GACTCAGCTT TTATAAAAAC1500
AAGAGGAGTG CACTTTTGTT TTGTTTTGTT CTTTTTGAA CTGTGCCTGG GTTGAGGGTC1560
TGGACAGGGA GCCCAGTCCC GGGCCCCATA GTGGTGCGGG CACTGGACCC CCGGGCCCCA1620

CGGAGGCCGC GGTCTGAACT GCTTTCCATG CTGCCATCTG GTGGTGATTT CGGTCACCTTC1680
AGGCATTGAC TCAAGGCCTG CCTAACTGGC TGGGTCGTTT CTTCCATCCG ACCTCGTTTC1740
TTTTCTTTCC TATGTTCTTT TGTTCAGTGA ATATCCCTAG AGTCCTACC ATATGTCAGG1800
CCCTATGCCT CACCCTGAGA ACGCAGTGAG CATGAGGTGG ACCTGTTTGC TGGGAACCCC1860
5 AGGTCACCCC CTTTTCTTCC CAAACTTGGT GCCTTGGAAG AATCAGGTCC AGCCCTGAAG1920
ATCCTTGGGG AAGAAAATGT TTATGTTGCA GGGTATTGCA TGGTCACGAG TGAGGGGCAG1980
GCCCCTGGGG GACACATCTG CCCACAGCTG CACAGGCCAG GGGCACAGGC ACATCTGTG2040
GTTCTCAGGC CTCAGATAAA ACCATCTCCG CATCATATGG CCAGTGACCG CTTTCTCCCT2100
TCAAGAAAAT TCTGTGGCTG TGCAGTACTT TGAAGTTTAA ATTATTAACC TGCTTTAATT2160
10 AAAGCAGTTT CTTTCTTAT AAAGTGGAA CACCAAATCT TATCACACAG AGCACAGTCC2220
TGTAAGTTACC CAGCCCGCTC CAGCAGTGCG GGAGATTGTA AGGAAGCGGT GCGCGCTGGT2280
GAAGCAAGTC TCACATGTCG GCGTTCCTGG CCAATGGATA CAAAGATAAA GAAAATGTTG2340
CCTTTTCTA GGAAGTGTCA GAAATCCTCA TGCTTTCTCA GACTTCTGTG AATGACTTGA2400
ATTTTTTATT CCCTGCCTAG GGTCTGTGAA CGAGGCCGTG CTCTTCCCTG GGGTTTCTTT2460
15 CCATGGCCTT TATTTCTCCT CTTCCAGTGG GAGTTTGTCA GGCTCTTCTC TGTGGAACT2520
TCACGAGCGT TGGCTGGGCC TCGGCTTCGC TGGAGTGAC TCCAGGGTGA AGGCAGAGTG2580
GGATTTGAGA CCCAGGTTAG GCACGACCCA GGCTGAGAAG GGACGTTTCC ATCATTACA2640
GTGCCCTCCC CACAGCAACT ACCTCACCCC GACCCCAACC CTCACTCCTA CCCCACCCCG2700
CGATCGTCAG GGGTGCCACG GTGGGCCGGA GGGTGCCGCG TCTGGCTGTC CCTGTGCCGG2760
20 TCCCTCACAA ACCTCTCCCC CTTTGAACT CAAGCACAGC TGCGAGGAGG GCAGCGAGGA2820
GGGACCCCTC TCTCATGGTT GTCTCTTTC CCGCTATGT CATAGGTAGT GGAGGAAGCG2880
AAGGAAGTGA ACGCTGAATG TGACGCATTT CTGAAGAGCT CAGCTGTCAC CGGGCATAGC2940
CTGGAAGCCC CAAGTCTGTT CTGACTTTGC CTGGCTGTCT CCTTGACCCG CCTCCTAGAT3000
CATTGTCCTT GATGTCCAGG CTGGGTCATT TAAAATAGAG ATGCAATCAG GAAGGTTGGG3060
25 GGACTTGGGA CTGTGGCTGA ATTGAGACCT TGCTGATGTA TTCATGTCAG CACCTGAGTC3120
ACAGCCCAGG TGCCCGGAAG CAGCCTCTTC GCATAGGCAG TGATTTGCGA TTAATTTAAA3180
GCTCACCTTT TTTCTTCCCC TCTCTGTTTC CTGCTGTCAG CATAATGATT GTGTTTCCTTC3240
CCTATGGGAT CCATCTGTTT TGTAACAAT AAAGCGTCTG AGGGAGTGTA AAAACAGAT3300
GGAT 3304

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 540:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 863 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 540

55 CAGGATTGAA ACAAGATGGC GGGTTCGTGG TGAGAAGCCG TCAAGGAGTA GAAATTGGTA 60
TGCTTAGAAG CAGATTCTAA AAGCAGTTTC TCTTCAGAAC ATCTTTTTTC ATACCACTTG120
ATAAGCATCT TGAAACACCA TGGCTGTAGC TGCAGTAAAA TGGGTGATGT CAAAGAGAAC180
TATCTTGAAA CATTTATTTT CAGTCCAAAA TGGAGCTTTA TATTGTGTTT GTCATAAATC240

TACGTATTCT CCTCTACCAG ATGACTATAA TTGCAACGTA GAGCTTGCTC TGACTTCTGA300
TGGCAGGACA ATAGTATGCT ACCACCCTTC TGTGGACATT CCATATGAAC ACACAAAACC360
TATCCCTCGG CCAGATCCTG TGCATAATAA TGAAGAAACA CATGATCAAG TGCTGAAAAC420
CAGATTGGAA GAAAAAGTTG AACACCTTGA GGAAGGACCT ATGATAGAAC AACTTAGCAA480
5 AATGTTCTTT ACTACTAAGC ACCGTTGGTA TCCTCATGGA CGGTATCACA GATGTCGTAA540
GAATCTGAAT CCTCCAAAAG ACAGATGATG CGGAGGTTCC TGGGGGAATC AAAGAGAAAT600
GTGCCTCATT TGCCATTGTA GAAAATGCAG TCTGGTGTAT TCAGTAATAT ATAGTAAAGT660
AATAATGATA AAATATCTTT TCATATATTA GAATGTGTAC TTTTATATAA AGTAATTCTG720
GATTTGACAT TCTCATTTAG AGAGACCTAT TCCTTTTTTC GTTTTCTATT TTAGTGTTC780
10 ATTTATGTGC GGTCTCCAAT TTAGGACTTT TCCATAGTGC CAAAGCCATA CATATTCAGT840
AGAACATCAA TAAAAA AAA 863

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 541:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1962 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 541

ACCGACGGCC GCCCTTTTTC GTCTTTTTTT TTTTACATT TCAAATATAT TTTATTACTT 60
TCCATCTTAG AAAGAATATG AAACCTGCAT GCAATGCTAA TGGTTTCTGA CATGTACATA 120
GCATATAACA CAGCAGTACA ATGCGGCATA TACTGGGGGG CAGTGTGTGG AGGGGGCGTT 180
40 CTTAAGGGTA TATGTACAGA GGAAAGGGCG CATGGTCATC TTAGCTTTCG AAAGAGGACT 240
GCACTGTTTA ACATTGAAGA ATTACATGGG GAATCACAAA TATATTGCTT TAGTACTGCA 300
TGTTCTGTTG TGGTGAGGGA AAGAAACATG CTTTGAAGGT TTTCCCTTGT CAACAGAATG 360
TGTGTCTGTA GCTGTGTATT GCGCATGTAT TCATATATTT TTAAGTTTTC TCCTAAGGTT 420
TTTGCTGACA GTGTTGGGAA CCTCACATGC TTCTGAAGCA TTAAATATTG AACCTGTGAA 480
45 CCTTTCAGAA ATCCTCAGGT TGGGAAAGAC CCCACACCTT CTTTAAGGAT CATTTGTCTC 540
GCCATCACAG GATCTTGGA AATGTTTCTA GGGTGTGTAA AAATTAACCA GGGGGGAATG 600
AAGCACATTT TTCTGGCAAC CAACTTGAG TTCCTCAGAG AACAGATGCA GAGAGACCTG 660
CTCCTGCTTG CCCGGCTACA GGGGCCACTG TGGAGTCACA CTGAGGCTGT GACCGGCCAT 720
AAGCCCAGGA GAGCCCGTGG CAGCTGTGCC GAGGCGCCAG GACCTCTAAG CGGAAGCTTC 780
50 CCAAGCTAGG AATGGAGCAA CACTGCAATG AAATGTGTCC ACCAAGCTCA TTGTTCTCTC 840
CGGGCGCTTA TAAAGCTCAG ATGTATAGTG ACGTATGGAC AAATACAAAA AAAAAAAAAA 900
AAAAAAAAA AAAAAAGCC TTTCTTTCTC ACAGGCATAA GACACAAATT ATATATTGTT 960
ATGAAGCACT TTTTACCAAC GGTCACTTTT TACATTTTAT AGCTGCGTGC GAAAGGCTTC1020
CAGATGGGAG ACCCATCTCT CTTGTGCTCC AGACTTCATC ACAGGCTGCT TTTTATCAAA1080
55 AAGGGGAAAA CTCATGCCTT TCCTTTTTTA AAAATGCTTT TTTGTATTTG TCCATACGTC1140
ACTATACATC TGAGCTTTAT AAGCGCCCGG GAGGAACAAT GAGCTTGGTG GACACATTTTC1200
ATTGCAGTGT TGCTCCATTC CTAGCTTGGG AAGCTTCCGC TTAGAGGTCC TGGCGCCTCG1260
GCACAGCTGC CACGGGCTCT CCTGGGCTTA TGGCCGGTCA CAGCCTCAGT GTGACTCCAC1320

AGTGGCCCCCT GTAGCCGGGC AAGCAGGAGC AGGTCTCTCT GCATCTGTTC TCTGAGGAAC1380
TCAAGTTTGG TTGCCAGAAA AATGTGCTTC ATTCCCCCCT GGTTAATTTT TACACACCCT1440
AGGAAACATT TCCAAGATCC TGTGATGGCG AGACAAATGA TCCTTAAAGA AGGTGTGGGG1500
TCTTTCCCAA CCTGAGGATT TCTGAAAGGT TCACAGGTTC AATATTTAAT GCTTCAGAAG1560
5 CATGTGAGGT TCCCAACACT GTCAGCAAAA ACCTTAGGAG AAAACTTAAA AATATATGAA1620
TACATGCGCA ATACACAGCT ACAGACACAC ATTCTGTTGA CAAGGGAAAA CCTTCAAAGC1680
ATGTTTCTTT CCCTCACCAC AACAGAACAT GCAGTACTAA AGCAATATAT TTGTGATTCC1740
CCATGTAATT CTTCATGTT AAACAGTGCA GTCCTCTTTC GAAAGCTAAG ATGACCATGC1800
GCCCTTTCCT CTGTACATAT ACCCTTAAGA ACGCCCCCTC CACACACTGC CCCCCAGTAG1860
10 TACGCAGGCA TTGGTACCGG CTGGTGTTAA AATGGCTATG GGACATGGTC AGGAAACCAT1920
TTAGGCATTG GCATTGAGGG TTCCATAATC CGTTTCTAAG GA 1962

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 542:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1772 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 542

TTGGCGCTGT AGTCCGGCCG GAACCTGTTT GCGACCCCGA GTCCCATGAC ACCGCTTCTC 60
CTCACACCCC AGTCCGCAGT GCCCCTCCCC AGCCTCGGCC GGGCCTCCCG GGAGCCGGGC 120
GTGGCGTTCC AGCTAGTGAG CCGTTTCTCC CCTGGGCTCG GAGGCGGAAG CTTGAGGGGC 180
40 GCGGGGAGGA GCTTCGCGTG CGGGGTGAAC GCCCGCTCTA CGTGCTCGTT CTCTTCGCGA 240
CCGCTGCGCG CGAGCCCCGT GTCCCCACGG CGGGCAGCAG CGCCGGCGGC GCGGCTGAA 300
CGCGGAGGGG GCGGAGGGAG CCCGCGGCGG CGGCAGCAGC TACAGCGAAA TGGCGGAGAC 360
CGTGGCTGAC ACCCGGCGGC TGATCACCAA GCCGCAGAAC CTGAATGACG CCTACGGACC 420
CCCCAGCAAC TTCCTCGAGA TCGATGTGAG CAACCCGCAA ACGGTGGGGG TCGGCCGGGG 480
45 CCGCTTACC ACTTACGAAA TCAGGGTCAA GACAAATCTT CCTATTTTCA AGCTGAAAGA 540
ATCTACTGTT AGAAGAAGAT ACAGTGAATT TGAATGGCTG CGAAGTGAAT TAGAAAAGAGA 600
GAGCAAGGTC GTAGTTCCCC CGCTCCCTGG GAAAGCGTTT TTGCGTCAGT TCCTTTTAGA 660
GGAGATGATG GAATATTTGA TGACAATTTT ATTGAGGAAA GAAAACAAGG GCTGGAGCAG 720
TTTATAAACA AGGTGCGTGG TCATCCTCTG GCACAGAACG AACGTTGTCT TCACATGTTT 780
50 TTACAAGATG AAATAATAGA TAAAAGCTAT ACTCCATCTA AAATAAGACA TGCCTGAAAT 840
TTGGCAAGAA GGGGCAAAAA CGTGACTATT AATGATTGAT AAGCACCAGT GAAGAAGTTC 900
TAACTTTTAG CATGCTGCAC AGAAACTGGT ATAACATGCC TTCAGTATAC TAACACTCAT 960
ATGCTCAGTT TTGTTTTGTT TTGGCAGTTG ACAAGAAGTT AATTTGCTTT AGTAAAAATC1020
CCTCATTTCCA GCCTTTCTAT ATAAATAGCT CTTTCTTGCT GTTTTAATGT GGTGCACACT1080
55 ATAGCCTCAC AAACCTGTTA TTCCAGTGTA ATCTGCAGTG TCGTAACTAA AGTTACTGGC1140
TTGGTCTTAT TTGCACAGTT TTTGCGTCTT GTTTGCTTCT TGCATCTGAT TAAC TAGAAT1200
ATTTCTCTTT CCCCCTTTTA ATTTGTGATG TCACTTGACC CCATTTATGT GTAGGAGCAC1260
TACACCATTG GTTTCCAATA CTGCACACAT AAGATACATA CTTGTGTGCA GAAAGTATCT1320

TCCTCCAGGC TTGTAATACC CTTACATGG AAGATTAATG AGGGAAATCT TTATATTCTG1380
TATAAAAACA AAAGCAAATT TATATACTAA AATCATTTGT CTAATAATTT AAGTTGTTTT1440
CAAATAAAAA TTAAATGCA TTTCTGATAT GCACTGATTG TGTTGCCTCC AGCTTTTTTT1500
GCTCTCTATG AGTGACTACT TAAGTCACTT GTTGAGAGGG ATTATTTACT AATTATATAC1560
5 TTCTCATTC TGTAACTCCA TTCCCTTTAA ACAGTGGTGA TATCAAATAT ACTCCATCC1620
ATTGAATGGG GTATTTTAA CAACAACAAA AGTGATATAC TAAAAAATGT ATTGCTTAAG1680
GCTTATTGAA TCATTTTGAA GCACTTTGTG TATTTGAAAA CTGCTTTATA ATCTCATTTA1740
TAAAAAGGAC TTTCAAAGAT AAAACCAAAA AA 1772

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 543:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1009 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 543

CTCGTGCGGT GATGTTGAGC AGAAGATACA ATTCAAAAGA GAAACAGCCA GTTTGAAACT 60
35 GTTACCCAC CAGCCCCGAA TTGTGGAGAT GAAGAAAGGA AGCAATGGCT ATGGTTTCTA 120
TCTGAGGGCA GGCTCAGAAC AGAAAGGTCA AATCATCAAG GACATAGATT CTGGAAGTCC 180
AGCAGAGGAG GCTGGCTTGA AGAACAATGA TCTGGTAGTT GCTGTCAACG GCGAGTCTGT 240
GGAAACCCTG GATCATGACA GTGTGGTAGA AATGATTAGA AAGGGTGGAG ATCAGACTTC 300
ACTGTTGGTG GTAGACAAAG AGACGGACAA CATGTACAGA CTGGCTCATT TTTCTCCATT 360
40 TCTCTACTAT CAAAGTCAAG AACTGCCCCA TGGCTCTGTC AAGGAGGCTC CAGCTCCTAC 420
TCCCATTCT CTGGAAGTCT CAAGTCCACC AGATACTACA GAGGAAGTAG ATCATAAGCC 480
TAAACTCTGC AGGCTGGCTA AAGGTGAAAA TGGCTATGGC TTCACTTAA ATGCGATTCTG 540
GGGTCTGCCA GGCTCATTCA TCAAAGAGGT ACAGAAGGGC GGTCTGCTG ACTTGGCTGG 600
GCTAGAGGAT GAGGATGTCA TCATTGAAGT GAATGGGGTG AATGTGCTAG ATGAACCCTA 660
45 TGAGAAGGTG GTGGATAGAA TCCAGAGCAG TGGGAAGAAT GTCACACTTC TAGTCTGTGG 720
AAAGAAGGCC TATGATTATT TCCAAGCTAA GAAAATCCCT ATTGTTCCCT CCCTGGCTGA 780
TGCCAGTTGA CAGCCCTGCA GGTCTAAAG AAGGAATAGT GGTGGAGTCA AACCATGACT 840
CGCACATGGC AAAAGAACGG GCGCTATTG CAGACGGCTA ATTTATGCTT AACTTAGGAA 900
GAGATAAGGT TCCTTGAGCA CCAAAGATGA TTCATAACTC TGTATAGGTG ACAGCTGCTT 960
50 ATAAAAGCAT CTTAGCAGAT AAGCCTATTA AATTGTGCT TTTGTAACA 1009

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 544:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 2834 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 544

20 CACTTTGCGG GCGGCACTTT TTCCAGGTTG TTAATCCAGC TAATGGAGAA GGATAGATGC 60
ACGCTACTTG GTTTAGAAAA AAAAACA AAAA ATGAGCAAAC GAGACGCCCC TTCCGTTTTA 120
TGATAACTAA GCTGCAGGGA AATAAATCGG CTGGCCCTAC TGCAATCTAC TGCACTCGAG 180
AAACATCACA GAAAATTCTT TGATTTATCT TAATAGTGAC AAGTGAGCCT GCTTCTGTCA 240
ATTACTGAAG CTATAAGGAG ATTTTTTAAA AATTAACTT CAACACAATG AGGTGTTGCC 300
25 ACATCTGCAA ACTTCCTGGG AGAGTAATGG GGATTTCGAGT GCTTCGATTA TCTTTGGTGG 360
TCATCCTCGT ATTATTACTG GTAGCTGGTG CTTGACTGC CTTACTTCCC AGTGTTAAAG 420
AAGACAAGAT GCTCATGTTG CGTAGGGAAA TAAAATCCCA GGGCAAGTCC ACCATGGACT 480
CCTTTACTCT CATAATGCAG ACGTACAACA GAACAGATCT CTTATTGAAA CTTTTAAATC 540
ATTATCAGGC TGTACCAAAT CTGCACAAAG TGATTGTGGT ATGGAACAAT ATTGGAGAGA 600
30 AGGCACCAGA TGAGTTATGG AATTCTCTAG GGCCCCACCC TATCCCTGTG ATCTTCAAAC 660
AACAGACAGC AAACAGGATG AGAAATCGAC TCCAGGTCTT TCCTGAAGT GAAACCAATG 720
CAGTGTGTGAT GGTAGATGAT GACACACTCA TCAGCACCCC AGACCTTGTT TTTGCTTTCT 780
CAGTTTGGCA GCAATTTCTT GATCAAATG TAGGATTGT TCCTAGAAAG CACGTCTCTA 840
CTTCATCAGG TATCTACAGT TATGGAAGTT TTGAAATGCA AGCACCAGG TCTGGAAATG 900
35 GTGACCAGTA CTCTATGGTG CTGATTGGAG CCTATTCTT CAATAGCAAA TATCTTGAAT 960
TATTTTCAGAG GCAACCTGCA GCTGTCCATG CTTTGATAGA TGATACTCAA AACTGTGATG1020
ATATTGCCAT GAATTTTATC ATTGCCAAGC ATATTGGCAA GACTTCAGGG ATATTGTGA1080
AGCCTGTAAA CATGGACAAT TTGGAAAAAG AAACCAACAG TGGCTATTCT GGAATGTGGC1140
ATCGAGCTGA GCACGCTCTG CAGAGGTCTT ATTGTATAAA TAAGCTTGTT AATATCTATG1200
40 ATAGCATGCC CTTAAGATAC TCCAACATTA TGATTTCCTA GTTTGGTTTT CCATATGCCA1260
ACTACAAAAG AAAAATATAA AAGTAAACA AACAAAAACA AACCTGAAA CTGCTTGGCA1320
TTTGAGTAGC TTCTCCATGC TATGTATTTT TTTAAGCAAC ATCATGAATT TTATCTACTC1380
CAGAAGTCTC TACAATAGAA AAAAAAGTGC AGTGCTTCTA GGATATAAAA TTCACATTAC1440
TTTTGAAAGC CAAGAAGTTG GTCTTATCCA GTTAGGTCTT CTTATGAAGA GTTTTCATCC1500
45 AGGGATATAA CTCCTTGGTC AGTGATTTTA TTGTTTACAT CCTGAGACTG TTCTACAGTT1560
TCTTTGACTC CTGGCATTG CCTTAAGGAC CTATAGCAAG CTGTTTCTAG GATCAGAAAC1620
TCAAGAGAGG CATTTCTCTG CTTTTTCACT AAAGGTCAGT TGTTTAAATT TGAAACCTGA1680
AATGCCTCTT TAGCAAAAGC CTGTGGTATG GGGTAAAGCC ATGTAAGAAG AGAATAGTCT1740
CAGTCACATA TGAAGAGGAA AATTTGCAGC TGCCAGTGCT TTCCTTGTGG CCCTGCCAAC1800
50 CAGCTCTTCC AGGACGAAC CAGTCCAGCA TGGTTTTGAT GTAACCATCC ATGCTTTTAT1860
TTTTGTAAAG TCTTTGTGA CTGGGACAGT TAATTTTAGT AGCTGAAGAA CGTCTAGTTG1920
TTTGCTTGAT ATTTGTGAAC ATTTACTGCA TGGATCACAA AACAATATAC CCTGTATTTT1980
TTACACGCCA CTTATATGCA GCAAGGAGTA AATGTGTAC TAGATTGCGG TAGTGCAATT2040
TGTCAGTGAA TCTGACCTTG AGAATGTACA TTAATCTTA TATTTTACAT AATGTATGTG2100
55 TTGTTTAAAG AATGTATAAA AAACCTGAAA AAAATGAGTA AGAACTGGCA GAAGTTAAAA2160
CCCTTTGTAT CAAAAGATCT TTATTGGTAG AGCACTGGTT ATCTTCTGGA TACTAAAAAG2220
TTGTATTACA AAGCCAAACA CTGCAATTCA CAACTTTAAA AAAAGATCCA AGGAACATT2280
CATAATGATG AAATTCCAAC TACATACAAG GAGGAGAAAA TAAGAACCCA GTCATAACAG2340
AGGAATTCTA TAGGAGTCTG CATCAATTCA TTCTTAAGGT TGCCTACTCT CTGTATGTG2400

AATTAGCGTC TGTGTTTCAC CCATTGTCTG TGTTTAGTCC TTGTTACCA CTAAGGCAAG2460
GAATTCTTAA CTAGGCCTCT GTTACCAAC TTCTCTTCT CCTCCTTCC CTCTTATCC2520
TCCTTCTCCT CTTCTTCTT ATATAATGCT AGTATATTCT CAAAATTGCA AAGCTGTGAG2580
AATATTAAAA TAATCATGGC TAATGTTCCA ATAATGAGGT CTTTGTGCAT TTAGTCCGC2640
5 ATATGATGGT TTTTTTTT CATTAAAGAG TATATGTGTC TTAATGCAGT CAGATTGTAA2700
AAAACAAAA CAAAGAACT AAGAATCTTA CTAAAAATCG ATAATGTCAG TTATCTGTT2760
TGCCAATAT TGGTAGTACT TTTTGCCTC TTATGATTCC TCTAGCAGAT AAATAAAGA2820
AACTTTTGCC ATCC 2834

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 545:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2319 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 545

AACGTCATTG GTAACAGCAA GTCCCAGACA CCAGCCCCCA GTTCCGAAGT GGTTTTGGAT 60
35 TCAAAGAGAC AAGTTGAGAG AGAGGAAACC AACCATGAGA TCCAGGAGGG GAAAGAAGAG 120
CCTCAGAGGG ACAGGCTGCC GCAGGAGCCA GGCCGGGAGC AGGTNGTGGA AGACAGACCT 180
GTAGGTGGA GAGGCTTCGG GGGAGCCGGA GAACCTGGGC AGACCCACA GGTGCAGGC 240
GCCCTGTCAG TGAGNCCAGG AAAATCCAGA GATGGAGGC CCTGAGCGAG ACCAGCTTGT 300
CATCCCCGAC GGACAGGAGG AGGAGCAGGA AGCTGCCGGG GAAGGGAGAA ACCAGCAGAA 360
40 ACTGAGAGGA GAAGATGACT ACAACATGGA TGAAAATGAA GCAGAATCTG AGACAGACAA 420
GCAAGCAGCC CTGGCAGGGA ATGACAGAAA CATAGATGTT TTTAATGTTG AAGATCAGAA 480
AAGAGACACC ATAAATTTAC TTGATCAGCG TGAAAAGCGG AATCATACAC TCTGAATTGA 540
ACTGGAATCA CATATTTTAC AACAGGGCCG AAGAGATGAC TATAAATGT TCATGAGGGA 600
CTGAATACTG AAAACTGTGA AATGTACTAA ATAAAATGTA CATCTGAANG ATGATTATTG 660
45 TGNAAATTTT AGTATGCACT TTGTGTAGGA AAAAAATGGNA ATNGGTCTTT TAAACAGCTT 720
TTGGGGGGNT ACTTTNGGAA GTGTCTNAAT AANGGTGTCA CNAATTTTGT GNTAGTANGG 780
TATTTCTGTA GNAAGNNTT AACACCAAAA CTNGGAACAT AGTTCTCCTT CAAGTGTTGG 840
CGACANCGGG NNGCTTCCTG ATTCTGGAAT ATAACCTTGT GTAAATTAAC AGCCACCTAT 900
AGAAGAGTCC ATCTGCTGTG AAGGAGAGAC AGAGAATCTT GGGTTCCGTC GTCTGTGTTCA 960
50 CGTGTCTGTAC CAAGTGTGTTG TGCCAGCCTG TTACCTGTTT TCACTGAAAA GTCTGGCTAA1020
TGCTCTTGTG TAGTCACTTC TGATTCTGAC AATCAATCAA TCAATGGNCC TAGANGCACT1080
GACTGTTAAC ACAACGTCA CTAGNCAAGG TAGNCAACNA GCTTTAAGTC TAAATACAAA1140
GCTGTTCTGT GTGAGAATTT TTTAAAAGGC TACTTGATA ATAACCCTTG TCATTTTTTA1200
TGTACAAAAC GCTATTAAAGT GGCTTAGAAT TTGAACATTT GTGGNTCTTT ATTTACTTTG1260
55 CTTNCGTGTG TGGGCAAAGC AACATCTTCC CTAATATAT ATTACCAAGA AAANGCAAGA1320
AGCAGATTAG GNTTTTTGAC NNAAAACANA ACAGGCCNNA AAAGGGGGCN TGNACCTGGA1380
GCAGAGCATG GTGNAGAGGC AAGGCATGNA GAGGGCAAGT TTGTTGTGGA CAGATCTGTG1440
CCTACTTTAT TACTGGAGTA AAANGAAAAC AAAGTTNCAT TGATGTCGNA AGGATATATA1500

5 CAGTGTNAG AAATTNNAGG NACTNGTTN AGAAAAACAG GAATACNNAA TGGNTTGNTT1560
TTTATCATAN GTGNTACACA TTTAGCTTGT GGNTAAATNG ACTCACAAAA CTGANTTTTA1620
AAATCAAGTT AATGTGAATT TTGAAAATTA CTACTTAATC CTAATTCACA ATAACAATGG1680
CATTAAAGGT TGACTTGAGT TGGTCTTAG TATTATTTAT GGTAAATAGG CTCTTACCAC1740
10 TTGCNAAATA ACTGGNCCAC ATCATTAAATG ACTGACTTCC CNAGTAANGG CTCTCTAAGG1800
GGTAAGTNAG GAGGATCCAC AGGATTGAG ATGCTAAGGC CCCAGAGATC GTTTGATNCC1860
AACCCTCTTA TTTTCNAGAG GGGAAAATGG GGCCTNAGNA AGTTACANGA GCATCNTNAG1920
CNTGGTGCGC TGGNCACCCC NTGGCCNTCN ACACNAGACT CCCNGAGTAG CTGGGANCTA1980
CAGGCACACA GTCACGAAG CAGGCCCNTG TTTGCAATTC ACGTTGCCNA CCTNCCAACN2040
15 TTAACATTN CTTCATATGT GATGTCCTTA GTCACNTAAG GTTAAANCTT TNCCCACCCA2100
GAAAAGGCAA CTTAGATAAA ATCTTAGAGT ACTTTCATAC TCTTCTAANG TCCTCTTCCA2160
GCCTCACTTT GAGTCTCCT TNGGGGTGA TNNNAGGAAT TTTCTCTGC TTTCTCAATA2220
AAGTCTCTAT TCATCTCATG TTTAATTTGT ACGCATAGAA TTGCTGAGAA ATAAAATGTT2280
CTGTTCAACT TANNNNNAAA AAAAAANAA AAAAAAAA 2319

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 546:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2456 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 546

40 TGCAACTGTG CACCCAGCTT GCCAGATTTT TCCCCATTAC ACCCCAGTG TGGCATATCC 60
TTGGTCCCCA GAGGCACACC CCTTGATCTG TGGACCTCCA GGCCTGGACA AGAGGCTGCT 120
ACCAGAAACC CCAGGCCCTT GTTACTCAAA TTCACAGCCA GTGTGGTTGT GCCTGACTCC 180
TCGCCAGCCC CTGGAACCAC ATCCACCTGG GGAGGGGCGT TCTGAATGGA GTTCTGACAC 240
CGCAGAGGGC AGGCCATGCC CTTATCCGCA CTGCCAGGTG CTGTCGGCCC AGCCTGGCTC 300
45 AGAGGAGGAA CTCGAGGAGC TGTGTGAACA GGCTGTGTGA GATGTTGAGG CCTAGCTCCA 360
ACCAAGAGTG TGCTCCAGAT GTGTTGGGGC CCTAACTTGG CACAGAGTCC TGCTCCTGGG 420
AAAGGAAAGG ACCACAGCAA ACACCATTCT TTTTGCCGTA CTTCTAGAA GCACTGGAAG 480
AGGACTGGTG ATGGTGGGAG GGTGAGAGGG TGCCGTTTTT CTGCTCCAGC TCCAGACCTT 540
GTCTGCAGAA AACATCTGCA GTGCAGCAA TCCATGTCCA GCCAGGCAAC CAGCTGCTGC 600
50 CTGTGGCGTG TGTGGGCTGG ATCCCTTGAA GGCTGAGTTT TTGAGGGCAG AAAGCTAGCT 660
ATGGGTAGCC AGGTGTTACA AAGGTGCTGC TCCTTCTCCA ACCCTACTT GGTTCCTCTC 720
ACCCCAAGCC TCATGTTTCA ACCAGCCAGT GGGTTCAGCA GAACGCATGA CACCTTATCA 780
CCTCCCTCCT TGGGTGAGCT CTGAACACCA GCTTTGGCCC CTCCACAGTA AGGCTGCTAC 840
ATTCAGGGGC AACCCTGGGC TCTATCATTT TCCTTTTTTG CCAAAAGGAC CAGTAGCATA 900
55 GGTGAGCCCT GAGCACTAAA AGGAGGGGTC CCTGAAGCTT TCCCACTATA GTGTGGAGTT 960
CTGTCCCTGA GGTGGGTACA GCAGCCTTGG TCCTCTGGG GGTGAGAAT AAGAATAGTG1020
GGGAGGGAAA AACTCCTCCT TGAAGATTTT CTGTCTCAGA GTCCAGAGA GGTAGAAAGG1080
AGGAATTTCT GCTGGACTTC ATCTGGGCAG AGGAAGGATG GAATGAAGGT AGAAAAGGCA1140

GAATTACAGC TGAGCGGGGA CAACAAAGAG TTCTTCTCTG GGAAAAGTTT TGTCTTAGAG1200
CAAGGATGGA AAATGGGGAC AACAAAGGAA AAGCAAAGTG TGACCCCTGG GTTTGGACAG1260
CCCAGAGGCC CAGCTCCCCA GTATAAGCCA TACAGGCCAG GGACCCACAG GAGAGTGGAT1320
TAGAGCACAA GTCTGGCCTC ACTGAGTGA CAAGAGCTGA TGGGCCTCAT CAGGGTGACA1380
5 TTCACCCAG GGCAGCCTGA CCCTCTTGG CCCCTCAGGC ATTATCCCAT TTGGAATGTG1440
AATGTGGTGG CAAAGTGGGC AGAGGACCCC ACCTGGGAAC CTTTTCCCT CAGTTAGTGG1500
GGAGACTAGC ACCTAGGTAC CCACATGGGT ATTTATATCT GAACCAGACA GACGCTTGA1560
TCAGGCACTA TGTTAAGAAA TATATTTATT TGCTAATATA TTTATCCACA AATGTGGTCT1620
GGTCTTGTGG TTTGTGTCTG TCGTGAAGTG CACTCAGGGT AACAAAGTCA TCTCTTTCTA1680
10 CATCAAGAGA AGTAAATTAT TTATGTTATC AGAGGCTAGG CTCCGATTCA TGAAAGGATA1740
GGGTAGAGTA GAGGGCTTGG CAATAAGAAC TGGTTTGTA GGGGCTAAAA GTGTGGCTTA1800
GTGAGATCAG GGAAGGAGAA AGCATGACTG GATTCTTACT GTGCTTCAGT CATTATTATT1860
ATACTGTTCA CTTCACACAT TATCATACTT CAGTGACTCA GACCTTGGGC AAATACTCTG1920
TGCCTCGCTT TTTCAGTCCA TAAATGGGC CTACTTAATA GTTGTTCAG GACTTACATG1980
15 AGATAATAGA GTGTAGAAAA TATGTTCCAA AGTGGAAAGT TTTATTTCAGT GATAGAAAAC2040
ATCCAAACCT GTACAGAGC CCATCTGAAC ACAGCATGGG ACCGCCACA AGAAGAAAGC2100
CCGCCCGGAA GCAGCTCAAT CAGGAGGCTG GGCTGGAATG ACAGCGCAGC GGGGCTGAA2160
ACTATTTATA TCCCAAAGCT CCTCTCAGAT AAACACAAAT GACTGCGTTC TGCCTGCACT2220
CGGGCTATTG CGAGGACAGA GAGCTGGTGC TCCATTGGCG TGAAGTCTCC AGGGCCAGAA2280
20 GGGGCCTTTG TCGCTTCTC ACAAGGCACA AGTTCCCTT CTGCTTCCCC GAGAAAGGTT2340
TGGTAGGGGT GGTGGTTTAG TGCCTATAGA ACAAGGCATT TCGCTTCCCTA GACGGTGAA2400
TGAAAGGGAA AAAAAGGACA CCTAATCTCC TACAAATGGT CTTTAGTAAA GGAACC 2456

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 547:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2218 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 547

GAGGAAAAAG AACAAATGAAC AGCAACGATC TTGACTGTGC AACTCAGACA TTCCTGCAGA 60
AAAGACATAT GTTGCTTTAC AAGAAGGCCA AAGAACTATG GGGCCTTCCC AGCATTTGAC 120
50 TGTTCAATTG ATAGAATGAA TTAAATATCC AGTTACTTGA ATGGGTATAA CGCATGAATG 180
TGTGATTTTA TTAGGGGCAT CTGCCAATTC TCTCACTGTG GTTCCTTCTC TGACTTTGCC 240
TGTTCAATCA CTAAGGAGGC TAGATCCTTC GCTGACTTCA CCATTCTCTA AACCTGTAAG 300
TTTCTCACTT CTTCCAAATT GGCTTTGGCT CTTTCTTCAA CCTTTCCATT CAAGAGCAAT 360
CTTTGCTAAG GAGTAAGTGA ATGTGAAGAG TACCAACTAC AACAATTCTA CAGATAATTA 420
55 GTGGATTGTG TTGTTTGTG AGAGTGAAG TTTCTTGGCA TCTGGTGCCT GATTAAGGCT 480
TGAGTATTAA GTTCTCAGCA TATCTCTCTA TTGTCTTGAC TTGAGTTTGC TGCATTTTCT 540
ATGTGCTGTT CGTGACTTGG AGAACTTAAA GTAATCGAGC TATGCCAACT TGGGGTGGTA 600
ACAGAGTACT TCCCACCACA GTGTTGAAAG GGAGAGCAAA GTCTTATGGA TAAACCTTCC 660

TTTCTTTTGG GGACACATGG CTCTCACTTG AGAAGCTCAC CTGTGCTGAA TGTCCACATG 720
GTCATAAAC ATGTTATCCT TAAACCCCC GTATGCCTGA GTTGAAAGGG CTCTCTCTTA 780
TTAGGTTTTT ATGGGAACAT GAGGCAGCAA ATCTATTGCT AAGACTTTAC CAGGCTCAAA 840
TCATCTGAGG CTGATAGATA TTTGACTTGG TAAGACTTAA GTAAGGCTCT GGCTCCCAGG 900
5 GGCATAAGCA ACAGTTTCTT GAATGTGCCA TCTGAGAAGG GAGACCCAGG TTATGAGTTT 960
TCCTTTGAAC ACATTGGTCT TTTCTCAAAG TTCCTGCCTT GCTAGACTGT TAGCTCTTTG1020
AGGACAGGGA CTATGTCTTA TCAATCACTA TTATTTTCCT GTTACCTAGC ATGGGACAAG1080
TACACAACAC ATATTTGTGT AGTCTTCTAA AAGACTCCTC TGATTGGGAG ACCATATCTA1140
TAATTGGGAT GTGAATCATT TCTTCAGTGG AATAAGAGCA CAACGGCACA ACCTTCAAGG1200
10 ACATATTATC TACTATGAAC ATTTTACTGT GAGACTCTTT ATTTTGCCTT CTACTTGC1260
TGAAATGAAA CCAAAACAGG CCGTTGGGTT CCACAAGTCA ATATATGTTG GATGAGGATT1320
CTGTTGCCTT ATTGGGAAC GTGAGACTTA TCTGGTATGA GAAGCCAGTA ATAAACCTTT1380
GACCTGTTTT AACCAATGAA GATTATGAAT ATGTTAATAT GATGTAAATT GCTATTTAAG1440
TGTAAGCAG TTCTAAGTTT TAGTATTTGG GGGATTGGTT TTTATTATTT TTTTCCTTTT1500
15 TGAAAAATAC TGAGGGATCT TTTGATAAAG TTAGTAATGC ATGTTAGATT TTAGTTTTGC1560
AAGCATGTTG TTTTTCAAAT ATATCAAGTA TAGAAAAAGG TAAACAGTT AAGAAGGAAG1620
GCAATTATAT TATTCTTCTG TAGTTAAGCA AACACTTGTT GAGTGCCTGC TATGTGCACG1680
GCATGGGCCC ATATGTGTGA GGAGCTTGTC TAATTATGTA GGAAGCAATA GATCTCGGTA1740
GTTACGTATT GGGCAGATAC TTAGTGTATG AATGAAAGAA CATCACAGTA ATCACAATAT1800
20 CAGAGCTGAG TTATCCCCAG TGTAGCTTCG TTGGGGATTG CAGTTTCTGG GAACGAGAGT1860
TAGGGCCATT TTATTTAAAA GAACTCCCG GTTGAGACCG GTTCTTATGA ACCTCTGAAA1920
CGTACAAGCC TTCACAAGTT TAACTAAATT GGGATTAATC TTTCTGTAGT TATCTGCATA1980
ATTCTTGT TTCTTTCCAT CTGGCTCCTG GGTTGACAAT TTGTGGAAAC AACTCTATTG2040
CTACTATTTA AAAAAAATCA GAAATCTTTC CCTTTAAGCT ATGTTAAATT CAAACTATTC2100
25 CTGCTATTCC TGTTTTGTCA AAGAATTATA TTTTCAAAA TATGTTTATT TGTTTTGATG2160
GTCCAGGAA AACTAATAA AAACCACAGA GACCAGCCCC AAAAAAAAAA AAGTTTTG 2218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 548:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2196 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
45 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 548

CGGCGCGATG CGCGGAGACC CCCGCGGGGG CGGCGGCGGC CGTGAGCCCC GATGAGGCCC 60
GAGCGTCCCC GGCCGCGCGG CAGCGCCCC GGCCCGATGG AGACCCCGCC GTGGGACCCA 120
GCCCCGAACG ACTCGCTGCC GCCACGCTG ACCCGGCGCG TGCCCCCTTA CGTGAAGCTT 180
55 GGCCTCACCG TCGTCTACAC CGTGTCTAC GCGCTGCTCT TCGTGTTTAT CTACGTGCAG 240
CTCTGGCTGG TGCTGCGTTA CCGCCACAAG CGGCTCAGCT ACCAGAGCGT CTTCTCTTTT 300
CTCTGCCTCT TCTGGGCTC CCTGCGGACC GTCCTCTTCT CTTTCTACTT CAAAGACTTC 360
GTGGCGGCCA ATTCGCTCAG CCCCTTCGTC TTCTGGCTGC TCTACTGCTT CCCTGTGTGC 420

```

CTGCAGTTTT TCACCCTCAC GCTGATGAAC TTGTA CTCTCA CGCAGGTGAT TTTCAAAGCC 480
AAGTCAAAAT ATTCTCCAGA ATTACTCAAA TACCGGTTGC CCCTCTACCT GGCCTCCCTC 540
TTCATCAGCC TTGTTTTCTT GTTGGTGAAT TTAACCTGTG CTGTGCTGGT AAAGACGGGA 600
AATTGGGAGA GGAAGGTTAT CGTCTCTGTG CGAGTGGCCA TTAATGACAC GCTCTTCGTG 660
5 CTGTGTGCCG TCTCTCTCTC CATCTGTCTC TACAAAATCT CTAAGATGTC CTTAGCCAAC 720
ATTTACTTGG AGTCCAAGGG CTCCTCCGTG TGTCAGTGA CTGCCATCGG TGTACCCTG 780
ATACTGCTTT ACACCTCTCG GGCTGCTAC AACCTGTTCA TCCTGTCATT TTCTCAGAAC 840
AAGAGCGTCC ATTCCTTTGA TTATGACTGG TACAATGTAT CAGACCAGGC AGATTTGAAG 900
AATCAGCTGG GAGATGCTGG ATACGTATTA TTTGGAGTGG TGTATTTGT TTGGGAATC 960
10 TTACCTACCA CCTTAGTCGT TTATTTCTTC CGAGTTAGAA ATCCTACAAA GGACCTTACC1020
AACCTGGAA TGGTCCCCAG CCATGGATTG AGTCCCAGAT CTTATTTCTT TGACAACCT1080
CGAAGATATG ACAGTGATGA TGACCTTGCC TGGAAACATTG CCCCTCAGGG ACTTCAGGGA1140
GGTTTTGCTC CAGATTACTA TGATTGGGGA CAACAACTA ACAGCTTCCT GGCACAAGCA1200
GGAACTTTGC AAGACTCAA CTTTGGATCC TGACAAACCA AGCCTTGGGT AGCATCAGT1260
15 AACAGTTTTA TGGACGATTG CTCAGATGAA AAGCTTCAGA AAAGCATAGT GACAGCTGAA1320
TTTTTAGGGC ACTTTTCTT AAGAAATAGA ACTTGATTTT TATTTGTTAC AGGTTTCAA1380
TGGCCCCATA GGAATAAGCA ATAATGTAGA CTGATAAACC CTTATTTTAG TACTAAAGAG1440
GGAGCCTTGC TATTTAGTGG GGTATAATTT AAACCTTTT AAGAAAATCT GTACTTTTAT1500
AAAGATGTAT TTTGTATAAC TTAATAATA ATGCTAAAGT ATACTAGGGT TTTTTTTTCT1560
20 TGAGAATGTT ACTGCAATCA TGTGTAGTT TGCACAGACT TTTATGCATA ATTCACTTTA1620
AAAATATAGA ATATATGGTC TAATAGTTTT TTAAAGCTTT TGGACTAAAG TATTCACAA1680
ATCTTACCTC TTTAGGTCAC TGATGGTCAC TCCGATTCTG AGTGCCACAT TGGTAGACTC1740
CTAAATACCA GTTGACAAC TAGCCAATTG CAACCTCAGT GTTGATAATT AAAATGAAAT1800
GGTAAAGCAG CAGACTGTAA GGTCTTATA GATTTTTTTT TTAAGGTTCA GGCCGTAGGT1860
25 TCCTCAAGGA ATCTCTTAAG TTTTGGCCAA AGACTGGTAC TTCTTTTCTAG TAGGGCGCTA1920
ATGTATACAC ATTAATGATA AGTTGATAAC ATTAAAAATG TAGCTGACTT ATCCTATTAA1980
ACCTCCTCTG CTATGTTTAC AGAACCCCA TAACTTTTTT TCAGCCTAAT GAAATCTAAT2040
ATGCATTACC TCAGGGCCAC ATCAAGAATA CACCCCTTTC CGAACTCACT GAATGTTTAT2100
TACATTCAAG GAGAAAATAA GAGGTCCAT AAAGGGCATT AATAACAAAT ACCCCAAGCC2160
30 GTTGAGCTAA GACTATGTGG AATCCTAATA GTTTTT 2196

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 549:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 701 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 549
- 55 AATTAAAATA AATAGAAACA TACGGAGATT CTTTTATGTT GGATTTATTA TACCCTCCAC 60
CATTTTGGTC CCTGAAAAGG GAAAAGATAC ACGGTCGAGT AGTACAGGTA TGTGTTTCCC120
ACTACACATT ATGGCTATAA TGGAGTTGAA TTGCAACAG TAAATTTTGG TTTTGGATTG180

5 GTTTCCTG ATCCCCCAG ACAGGAGCTT CCTCTCCAC CCTACCTGCC TGCCCTTAAG240
TTGTGCTCTA TTAAACTGGA CACAAATCTC ACCGGCTTTT AGTCTAATAA TTGAATCATA300
GCTACACACA GTGACACCAG AATAGCTACT TGTTTTTTTA TGTTACCAGT GAGTAACCTG360
TTTATCCTTG TATGTAGAAA CTAATTTTAC CATGATCACA GATCTGTGTA ACATCTCTAG420
5 TTTGAATTTT CACACAATTT TAAATGTCT ACTAGAAAAC TTACACCTTT TTGTTCCAAG480
GTGCTCTTCA TCTATAAAAC CGTGGGCATA CTTAGTGT CTTCTGAGGC CAAATTTTGT540
GGGTCGTGGG GGACAATTTT GTATTAACAT ACGTTATTTT GTAATTCATT CTCCAAATTT600
GAAGCTTTAT TAAAGGTATT CTATTTCAC TGGCTTCCCT TAACCTGAAT AAAATTTACT660
10 CCCAGTGCCG TGGCTCATGC CTGCTGCAAT CCCAGCCCTT T 701

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 550:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2214 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 550

35 GCTAAAGAGG AGGATGCTAT ACTTTTCTAA ATGGCAAGAG ATGGGGAGAG AAGGGGATTA 60
AGAGTTGACC CGCAACCTCC CGGTGGATTC TTTGTTCTTA CCAGATCTCT TGGCCACTCC 120
CCTATTCTGA AGTCGTCTTG GCTCTCTTGA CTGCTCCCCT ATTCTGAAGT CGTCTTGGCT 180
CTCTTGACTA CTCCCCTATT CTGAAGTCGT CTTGGCTCTC CTGACTACAC TATTTCAAGG 240
AATGATCACC AAGACACACA AAGTAGACCT TGGGCTCCCA GAGAAGAAAA AGAAGAAGAA 300
40 AGTGGTCAAA GAACCAAGAGA CTCGATACTC AGTTTTAAAC AATGATGATT ACTTTGCTGA 360
TGTTTCTCCT TTAAGAGCTA CATCCCCCTC NTAAGAGTGT GGCCCATGGG CAGGCACCTG 420
AGATGCCTCT AGTGAAGAAA AAGAAGAAGA AAAAGAAGGG TGTCAGCACC CTTTGCGAGG 480
AGCATGTAGA ACCTGAGACC ACGCTGCCTG CTAGACGGAC AGAGAAGTCA CCCAGCCTCA 540
GGAAGCAGGT GTTTGGCCAC TTGGAGTTCC TCAGTGGGGA AAAGAAAAAN TAAGAAGTCA 600
45 CCTCTAGCCA TGTCCCATGC CTCTGGGGTG AAAACCTCCC CAGNACCCNT AGACAGGGTG 660
AGGAGGAAAC CAGAGTTGGC AAGAAGCTCA AAAAANCACA AGAAGGAAAA AAAGGGGGNC 720
CCAGGACCCC ACNAGCCTTC TCGGTCCAGG ACCCTTGGTT CTGTGAGGCC AGGGAGGCCA 780
GGGATGTTGG GGACACTTGC TNCAGTGGGG AAGAAGGATG AGGAACAGGC AGCCTTGGGG 840
NCAGAAACGG AAGNCGGAAG AGCCCCAGAG AACACAATGG GAAGGTGAAG AAGAAAAAAA 900
50 AAATCCACCA GGAGGGAGAT GCCCTCCCAG GCCACTCCAA GCCCTCCAGG TCCATGGAGA 960
GCAGCCCTAG GAAAGGAAGT AAAAAGAAGC CAGTCAAAGT TGAGGCTCCG GAATACATCC1020
CCATAAGTGA TGACCCTAAG TCCTCCGCAA AGAAAAAGAT GAAGTCCAAA AAGAAGGTAG1080
AGCAGCCAGT CATCGAGGAG CCAGCTCTGA AAAGGAAGAC GAGGAAGAAG AGGAAGAGA1140
GTGGGGTAGG AGGAGACCTT TGGAGGGAGG AAACAGACAC GGACTTAGAG GTGGTGTGG1200
55 AAAAAAAGG CAACATGGAT GAGGCGCACA TAGACCAGGT GAGGCGAAAG GCCTTGCAAG1260
AAGAGATCGA TCGCGAGTCA GGCAAAACGG AAGCTTCTGA AACCAGGAAG TGGACGGGA1320
CCCAGTTTGG CCAGTGGGAT ACTGCTGGTT TTGAGAACGA GGACCAAAAA CTGAAATTTTC1380
TCAGACTTAT GGGTGGCTTC AAAAACCTGT CCCCTTCGTT CAGCCGCCCC GCCAGCACGA1440

TTGCAAGGCC CAACATGGCC CTCGGCAAGA AGGCGGCTGA CAGCCTGCAG CAGAATCTGC1500
AGCGGGACTA CGACCGGGCC ATGAGCTTGG AAGTACAGCC GGGGAGCCGG CTTGCGGTGT1560
TCTCCACCGC CCCCAACAAG ATCTTTTACA TTGACAGGAA CGCTTCCAAG TCAGTCAAGC1620
TGAAGATTA AACTCTAGAG TTTTGTCCCC CAAAACCTGC CACAATTGCT TTGATTATTC1680
5 CATTTATGCT GGAGATTACA AATTTTTTTT GGTGAACAAA TCAGATCTTG GTGAGGACCT1740
CGAGCAGTAA GATATAAATA ACTCCCNATA AGCTTAGNCG TTCCCAGTAA TGGAACTA1800
GGCATAAANT GGTTTATTNC AGTTGTGCAA ATGAAAGCCA TCTGACAGTT GGCTNCACAT1860
TGAACACCTG TGGAGATTAA GGACGAGGAC AACTATATTG ATGGGCTTGG ATGAACTGGG1920
GCAGGGCAGC TCATATTTTCG GGAGCCAGGA GAACGAGTGA GTGCTAAAAC CTCCTGTTTT1980
10 CTGTGTTAAA CATTCCGTCC CTGTTTGAGA CATCAGTATG TACAGTTAAC TTTTGTGAG2040
TGTTTAGCAG GTAGTAGGGA CATACTAGTG TTTTCCTTAA TGTATTTAAT CTTTATAATT2100
ATGAAATGGG TGCTATTATT AGCCCCATCT TATAGATGAG GCAACTGAGG TTCAGGGATA2160
AAGTAATAAA ATTGCCTGGG GTCACCCAGC CACTAAAAAA AAAAAAAAAA AAAA 2214

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 551:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1434 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 551

40 GCGCGGCCGG CGCCTGCGGG GCGAGAGGGT CGGGGCGAAG GGAAGCTAC GTCCCGGAGG 60
TGCGGTGTGG GGCACCGGGC GGGGCCGCGG GAACCGGCGC CCCACGGAGC TGCTGCTGTC 120
AGACCAACCC CGGGCCCCCA TCATCACTGC GCCGCGCTTT CAGGCGCCGA GAACTACCGT 180
TCCCGGCATG CCATGAAATT GGCTCGGCG CTGAGGCGGG GTCCGGCCCT CCACCCGCTC 240
CCGCCGCGCG CGAATCGCGG TCGCGAGCCA TGGAGGAGGA GGCATCGTCC CCGGGGCTGG 300
GCTGCAGCAA GCCGCACCTG GAGAAGCTGA CCCTGGGCAT CACGCGCATC CTAGAATCTT 360
45 CCCCAGGTGT GACTGAGGTG ACCATCATAG AAAAGCCTCC TGCTGAACGT CATATGATTT 420
CTTCCTGGGA ACAAAGAAT AACTGTGTGA TGCCTGAAGA TGTGAAGAAC TTTTACCTGA 480
TGACCAATGG CTTCCACATG ACATGGAGTG TGAAGCTGGA TGAGCACATC ATTCCACTGG 540
GAAGCATGGC AATTAACAGC ATCTCAAAAC TGAAGCTGAGT CACCCAGTCT TCCATGTATT 600
CACTTCCTAA TGCACCCACT CTGGCAGACC TGGAGGACGA TACACATGAA GCCAGTGATG 660
50 ATCAGCCAGA GAAGCCTCAC TTTGACTCTC GCAGTGTGAT ATTTGAGCTG GATTTCATGCA 720
ATGGCAGTGG GAAAGTTTGC CTTGTCTACA AAAGTGGGAA ACCAGCATTG GCAGAAGACA 780
CTGAGATCTG GTTCTTGGAC AGAGCGTTAT ACTGGCATT TCTCACAGAC ACCTTTACTG 840
CCTATTACCG CCTGCTCATC ACCCACTTGG GCCTGCCCCA GTGGCAATAT GCCTTCACCA 900
GCTATGGCAT TAGCCACAG GCCAAGCAAT GGTTGAGCAT GTATAAACCT ATCACCTACA 960
55 ACACAAACCT GCTCACAGAA GAGACCGACT CTTTGTGAA TAAGCTAGAT CCCAGCAAAG1020
TGTTTAAAGAG CAAGAACAAG ATCGTAATCC CAAAAAAGAA AGGCGCTGTG CAGCCTGCAG1080
GTGGCCAGAA AGGGCCCTCA GGACCCCTCCG GTCCCTCCAC TTCTCCACT TCTAAATCCT1140
CCTCTGGCTC TGGAAACCCC ACCCGGAAGT GAGCACCCCT CCCTCCAACCT CCCTACCAGC1200

TCCAGAGTGG TGGTTTCCAT GCACAGATGG CCCTAGGGGT GACCTCCAGT TTTGCGTGTG1260
GACCGTAGGC CTCTTTCTAG TTGAATGACC AAAATTGTAA GGCTTTTAGT CCCACCGACA1320
TTAGCCAGGC TCGTAGTGAG GCCTCCAGAG CAGGTTGTGC TGTCCCTGC CTCTGGAAGC1380
AATGGGGAAT GTGGAATCAA GACAATGCCC AAAAAATTTT TAATGCAGCT GGTC 1434

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 552:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2434 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 552

30 CCCGAGAAG GTGGAGGGAG ACGAGAAGCC GCCGAGAGCC GACTACCCTC CGGGCCCAGT 60
CTGTCTGTCC GTGGTGGATC TAAGCCTCAT CTGTATCCTC TTGTGATGGC GTGAAGGAAA 120
GCCATGGCAG ATTTCCAGCC TGGTGATGCT GTACAGAACA CAGGTGGCCT GCTTCCATGC 180
CTCCTCAGCT TCAAGAAACT AGAATGAACC GAAGCATTCC TGTGGAGGTT GATGAATCAG 240
AACCATACCC AAGTCAGTTG CTGAAACCAA TCCCAGAATA TTCCCCGAA GAGGAATCAG 300
35 AACCACCTGC TCCAAATATA AGGAACATGG CACCCAACAG CTTGTCTGCA CCCACAATGC 360
TTCACAATTC CTCCGGAGAC TTTTCTCAAG CTCACTCAAC CCTGAAACTT GCAAATCACC 420
AGCGGCCTGT ATCCCGGCAG GTCACCTGCC TGCGCACTCA AGTTCTGGAG GACAGTGAAG 480
ACAGTTTCTG CAGGAGACAC CCAGGCCTGG GCAAAGCTTT CCCTTCTGGG TGCTCTGCAG 540
TCAGCGAGCC TCGTCTGAG TCTGTGGTTG GAGCCCTCCC TGCAGAGCAT CAGTTTTTCAT 600
40 TTATGGA AAA ACCTAATCAA TGGCTGGTAT CTCAGCTTTC AGCGGCTTCT CCTGACACTG 660
GCCATGACTC AGACAAATCA GACCAAAGTT TACCTAATGC CTCAGCAGAC TCCTTGGGCG 720
GTAGCCAGGA GATGGTGCAA CGGCCCCAGC CTNCACAGGA ACCGAGCAGG CCTGGATCTG 780
CCAACCATAG ACACGGGATA TGATTCACAG CCCCAGGATG TCCTGGGCAT CAGGCAGCTG 840
GAAAGGCCCC TGNCCTCAC CTCCGTGTGT TACCCCCAGG ACCTCCCCAG ACCTCTCAGG 900
45 TCCAGGGAGT TCCCTCAGTT TGAACCTCAG AGGTATCCAG CATGTGCACA GATGCTGCCT 960
CCCAATCTTT CCCACATGC TCCATGGAAC TATCATTACC ATTGTCTTGG AAGTCCCGAT1020
CACCAGGTGC NCATATGGCC ATGACTACCC TCGAGCAGCC TACCAGCAAG TGATCCAGCC1080
GGCTCTGCCT GGGNCAGCCC CTNNGCCTGG AGCCAGTGTG AGAGGCCTGC ACCCTGTGCA1140
GAANNNGTTA TCCTGAATTA TCCCAGCCCC TGGGACCAAG AAGAGAGGCC CGCACAGAGA1200
50 GACTGCTCCT TTCCGGGGCT TCCAAGGCAC CAGGACCAGC CACATCACCA GCCACCTAAT1260
AGAGCTGGTG CTCCTGGGGA GTCCTTGGAG TGCCCTGCAG AGCTGAGACC ACAGGTTCCC1320
CAGCCTCCGT CCCCAGCTGC TGTGCCTAGA CCCCCTAGCA ACCCTCCAGC CAGAGGAACT1380
CTAAAAACAA GCAATTTGCC AGAAGAATTG CGGAAAGTCT TTATCACTTA TTCGATGGAC1440
ACAGCTATGG AGGTGGTGAA ATTCGTGAAC TTTTGTGGT TAAATGGCTT CCAAAGTGA1500
55 ATTGANCANT ATTTGAGGAT AGAATCCGAG GCATTGATAT CATTNAAATG GATGGAGCGC1560
TACCTTANGG GATAAGACCG TGATGATAAT CGTAGCAATC AGCCCCNAAA NTACAAANNC1620
AGGACGTNGG NAAGGNCGCT GANGTCNGCA GCTGGACGAG GATGAGCATG GCTTACATAC1680
TAAGTACATT CATCGAATGA TGCAGATTGA GTTCATAAAA CAAGGAAGCA TGAATTTTCAG1740

ATTCATCCCT GTGCTCTTCC CAAATGCTAA GAAGGAGCAT GTGCCCACCT GGCTTCAGAA1800
CACNTCATGT CTACAGCTGG CCCAAGAATN AAAAAAACA TCCTGCTGCG GCTGCTNGAG1860
AGAGGAAGAG TATGTGGCTC CTCCACGGGG GCCTCTGCCC ACCNCTTCAG GTGGTTCCCT1920
TGTGANCAACC GTTCATCCCC AGATCACTGA GGCCNAGGCC ATGTTTGGGN GCCTTGTTCT1980
5 GNACAGCATT CTGGCTGAGG CTNGGTCGGT AGCANNTCC TGGCTGGTTT TTNTTCTGTT2040
CCNTCCCCGA NGAAGCCCTC TGGNNCCCC ANGGAACCT GTTGTGCAGA GCTCTTCCCC2100
GGAGACCTCC NACACANCCC TGGNCTTTGA AGTGGAGTCT GTGNACTGNC TCTGCATTNC2160
TCTGCTTTTN AAAAAAACCA TTGCAGGTGN CCAGTGTCCC ATATGTTNCC TCCTNGACAG2220
NTTTGATGTN GTNCCATTCT NGGGCTCTC AGTGCTTAGC AAGTAGATAA TGTAAGGGAT2280
10 GTNGGCAGCA AATGGAAATG ACTACAAACA CTCTCCTATC AATCACTTCA GGCTACTTTT2340
ATGAGTTAGC CAGATGCTTG TGTATCCTCA NGACCAAACT GATTCATGTA CAAATAATAA2400
AATGTTTACT CTTTTGTAAA AAAAAAAAAA AAAA 2434

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 554:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1457 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 554

ACTAACCAG AGTTGTGGCA TTATTAATTA TCACTGGTCT TCTTAATCGT AAAACGGGGG 60
ACCCAGAGG CAAGGAAATT TCCATTACCC TATATTGGGC TTAACTTAA AGGAGTATAT 120
40 CCACTATCAA GAGCTTAGTA CAAAGGCTGG GGTGAAGTTA CATTATACCT GGGCGTTTTA 180
CCATACCAGG GACCCACCT CAACAATGAC TGTGGAAGAC CAAAGGAGAT ACCTAGGTTT 240
AGATTATAAT AAATCACCCA GCACCACCTG AATGTATTAT CCACAAAGAT ATAGCAATAA 300
TAAAGGTTAT ATATACATAT ATTTATCTTG GTAACCTGAG GGCTAAAAAC GTGGAATACG 360
ATAATTCTTC TCAAGAGGTC CATCTGTAAG AAAGGGACCC AAAAGGACAG TGTTTGTGTT 420
45 GCATAAAATA TGGGTAAAGT GGAGTTGGGA ACAAAGGGTG GTTCTTTTAG CTCTTTCCAC 480
ATCTCTCTTT GATAAGGACT GAAACCCTGT TGATTCATGA TAAACGTTTC CTTTTTTTTT 540
TTTTTTGGCA GCGGGGAGAG GGAAAGAGGA GGAAATGGGG TTTGAGGACC ATGGCTTACC 600
TTTCTGCCT TTGACCATC ACACCCCAT TCCCTCTCTT TCCCTCTCCC CGCTGCCAAA 660
AAAAAAAAAA AGGAAACGTT TATCATGAAT CAACAGGGTT TCAGTCCTTA TCAAAGAGAG 720
50 ATGTGGAAG AGCTAAAGAA ACCACCCTTT GTTCCCAACT CCACTTTACC CATATTTTAT 780
GCAACACAAA CACTGTCCTT TTGGGTCCCT TTCTTACAGA TGGACCTCTT GAGAAGAATT 840
ATCGTATTCC ACGTTTTTAG CCCTCAGGTT ACCAAGATAA ATATATGTAT ATATAACCT 900
TATTATTGCT ATATCTTTGT GGATAATACA TTCAGGTGGT GCTGGGTGAT TTATTATAAT 960
CTGAACCTAG GTATATCCTT TGGTCTTCCA CAGTCATGTT GAGGTGGGCT CCCTGGTATG1020
55 GTAAAAAGCC AGGTATAATG TAACCTCACC CCAGCCTTTG TACTAAGCTC TTGATAGTGG1080
ATATACTCTT TTAAGTTTAG CCCCATAATA GGGTAATGGA AATTTCCTGC CCTCTGGGTT1140
CCCCATTTT ACTATTAAGA AGACCAGTGA TAATTTAATA ATGCCACCAA CTCTGGCTTA1200
GTAAAGTGAG AGTGTGAAC TGTGTGCAAG AGAGCCTCAC ACCTCACTAG GTGCAGAGAG1260

CCCAGGCCTT ATGTTAAAT CATGCACTTG AAAAGCAAAC CTTAATCTGC AAAGACAGCA1320
GCAAGCATT TACGGTCATC TTGAATGATC CCTTTGAAAG TTTTTTTTGT GTTGGTTTGG1380
TTTAAATCA AGCCTGAGGC TGGGTGGAAA CAGGTAGCCT ACACACCCCA AATTGGGGGT1440
GGTCCCGGGG GAATGTT 1457

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 555:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 741 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 555

30 CCTCCTAAAA GACTGGGAAA GCAGCTTTGG GCTTTGGGTC CTCCTAAAAA AACCAAGGCG 60
GATGACTTGG GGTTCGGATC CCCTTCGGAT GTCACGCGAA AAAGCCTTAG CAGACCTGAT120
TGAGAAGGAA CTGTCCCGTT CAAAGACCAA CCTTCCCTTT CGCCCCACAT CTCTTCAGAA180
CTCCTCTTCA CACACTACAA CCGCCAAAGG TCCCAGGCTC TGGATTCTCTG CATCCTGCTG240
CAGCTACAAA TGCCAATTCT CTAAATAGTA CCTTTTCAGT CTTGCCCCAG AGGTTCCTC300
35 AATTTTCAGCA GCACCGAGCG GTTTATAATT CATTTCAGTT TCCAGGCCAG GCAGCCCGCT360
ATCCTTGGAT GGCCTTTCCA NCGCAATAGC ATCATGCNAC TTGAACCACA CAGCAAACCC420
CACCTCAAAT AGTAATTTCT TGGACTTGAA TCTCCCGCCA CAGCACAACA CAGGTCTGGG480
AGGGATCCCT GTAGCAGGGG AAGAAGAGGT GAAGGTTTCG ACCATGCCAC TGTC AACCTC540
TTCCCATTC A TTACAACAAG GACAGCAGCC TACAAGTCTC CACACTACTG TGGCCTGACA600
40 ACAGAACTGA GAGGAGAGGA TTAGACTCTG GGGTGCTTGC ATGGGCAACT GGATTTTGC660
ATGATTCCTT TATGATTTTG CTTTAAATGT ATACACCCAG AAGAGCCAAT ATAAACGTT720
CTCATGCCTA AAAAAAAAAA A 741

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 561:

45

- (A) LÄNGE: 470 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 561:

10 TDQPNIQSVK IHSLPLRNPN KGCECPRRD GFGFIKCVDR DVRMFFHFSE ILDGNQLHIA 60
DEVEFTVVPD MLSAQRNHAI RIKKLPGKTV SFHSHSDHRE LGTVEKEATF SNPKTTSPNK120
GKEKEAEDGI IAYDDCGVKL TIAFAQKDE GSTSPQIGDK VEFISIDKQR PGQQVATCVR180
LLGRNSNSKR LLGYVATLKD NFGFIETANH DKEIFFHYSE FSGDVDSLEL GDMVEYSLSK240
GKGNKVSARK VNKTHSVNGI TEEADPTIYS GKVIRPLRSV DPTQTEYQGM IEIVEEGDMK300
GEVYFPGIVG MANKGDCLQK GESVKFQLCV LGQNAQTMAY NITPLRRATV ECVKDQFGFI360
15 NYEVGDSKKL FFHVKEVQDG IELQAGDEVE FSVILNQRTG KCSACNVWRV CEGPKAVAAP420
RPDRLVNRLK NITLDDASAP RLMVLRQPRG PDNSMGFGAE RKIRQAGVID 470

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 562:

20 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 562:

35 LNAILNFFHM EKELLAISYF IVNEAKLIFH TFHCGPAQGC DVVSHSLCIL AQDTQLELDA 60
LPFLQAIPFV GHPNDKAWID LTFHIALHNN LNHSVLVSLC WINTPQGANY FARVNGGISF120
LSNAIH 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 563:

40 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 563:

KSHTSCNLLS RPLFVTNTKF NLISYLRRSR SFHILGLKSN SQFHPTVIIS NNAILSLLLF60
AFIWASGFRI GKSGFFFYRA QKTVI 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 564:

(A) LÄNGE: 549 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 564:

LYPNFLVNEL ILKQKQRFEE KRFLDHSVS STNGHRWQIF QDWLGTDQDN LDLANVNLML 60
ELLVQKKKQL EAESHAAQLQ ILMEFLKVAR RNKREQLEQI QKELSVLEED IKRVEEMSG120
YSPVSEDSTV PQFEAPSPSH SSIIDSTEYS QPPGFSGSSQ TKKQPWYNST LASRRKRLTA180
HFEDLEQCYF STRMSRISDD SRTASQLDEF QECLSKFTRY NSVRPLATLS YASDLYNGSS240
IVSSIEFDRD CDYFAIAGVT KIKVVEYDT VIQDAVDIHY PENEMTCNSK ISCISWSSYH300
KNLLASSDYE GTVILWDGFT. GQRSKVYQEH EKRCWSVDFN LMDPKLLASG SDDAKVKLWS360
TNLDNSVASI EAKANVCCVK FSPSSRYHLA FGCADHCVHY YDLRNTKQPI MVFKGHRKAV420
SYAKFVSGEE IVSASTDSQL KLWNVGKPYC LRSFKGHINE KNFVGLASNG DYIACGSENN480
SLYLYYKGLS KTLTTFKFD T VKSVDKDRK EDDTNEFVSA VCWRALPDGE SNVLIAANSQ540
GTIKVLELV 549

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 565:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 565:

TLYFVYIDMC NSQRGWEIRT LQIIHCYIIV HICYFVTFVF SFVFFFFFFF FFCGSINFYC 60
FVIYFYSKEF VLSQKLDNT TKSSNVHGVT LMVESWLGIP NVPKVIKEGK EKKKKIFKTN120
PKPMMTLGRD IT 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 566:

- 5 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 566:

20 GTVLSSLTGE YKPLISSTLL ISSSKTLSSF WICSSCSLLF LLATLRNSIR ICSWAACDSA60
SSCFFFCTSN SNIRLTAKS RLSWSVPNQS 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 567:

- 25 (A) LÄNGE: 331 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 567:

40 SANHKLEVNG TDGLAPVEVE ELLRQASERN SKSPTEYHEP VYANPFYRPT TPQRETVTPG 60
PNFQERIKIK TNLGIGVNE SIHNMGNLS EERGNNFNHI SPIPPVPHPR SVIQQAEKL120
HTPQKRLMTP WEESNMQDK DAPSPKPRLS PRETIFGKSE HQNSSPTCQE DEEDVRYNIV180
HSLPPDINDT EPVTMIFMGY QQAEDSEEDK KFLTGYDGII HAELVVIDDE EEDEGEAEK240
45 PSYHPIAPHS QVYQPAKPTP LPRKRSEASP HENTNHKSPH KNSISLKEQE ESLGSPVHHS300
PFDAQTTGDG TEDPSLTALR MRMAKLGKKV I 331

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 568:

- 50 (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 568:

LSLTSRMEEA ELVKGRLOAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60
ISSGKEQEEM KKQNQQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQDLEK AELQISTKEE AILKKLKSIE120
RTTEDIIRSV KVEREERAE SIEDIYANIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY180
15 AMEIKVEKDL KTGESTVLSS NTSGHQMTLK GTGVKV 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 569:

20

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 569:

35 LEKLHICFPQ LFGNFSQIMT TTYSHGLIWY TVMIIFWTSE KINKISRREI CKCFLVSSSK 60
DVIYIGGTTLR SPFFPALPFS SLKLLRMDPQ SHLQLSEHQM GNGGQGCLSF LLALSEIWNF120
CGGIYDLCFH ED 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 570:

40

(A) LÄNGE: 199 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 570:

5 NFVTPWSFWW WTKLTFFFPL ALKKSSRVSS SHLPRIYQAF LMSATFNEDV QALKELILHN 60
PVTCLKQESQ LPGPDQLQQF QVVCETEEDK FLLLYALLKL SLIRGKSLLF VNTLERSYRL120
RLFLEQFSIP TCVLNGELPL RSRCHIISQF NQGfyDCVIA TDAEVLGAPR QRAMRPERRA180
KTGTMASRFL ERTVVALGH 199

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 571:

10

- (A) LÄNGE: 195 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 571:

30 QRVRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRLL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60
RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLKRD LELLVVDEAD180
LLFSFGFEEE LKSL 195

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 572:

35

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 572:

50 DIGHSDIPST VGSQLLNHGL CLPCQLLGRN KNKASHCLFY HRTCRLPMEQ QLQHRNSISG60
RLPGARAGPS QEVLPF 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 573:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 573:

DSQVGRGPQR NSSLHTGRSV HWGEATGSLR HLOWGRAQPL LFLGGKLRFK LPGGKSMGRK60
QALXLLRVSV SPFFPLCLIN KFHFHPSNS L 91

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 574:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 574:

EKWNLLIRHK GKKGETETLS KXRACFLPMD FPPGSLNRSF PPRKRRGWAL PHWRWRKLPV60
ASPQCTLLPV CRLEFLWGPL PTWLSHCPL 89

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 575:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 575:

LIRCLRLFSH HVMERKLSTS FLRLPATQLL IHIWSEPWYP STIHARKLDV YSLPFFPLFG60
DFLLSSAEDG VLVCPMATKI 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 577:

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 577:

LLPLLLLLLIH GDTPXGPGPX XQEAPNHRH GLEEXRISXK SCMGXVDWNG PEGVEIYVDG 60
KEPHNKSQSS QLGFKTNGHX KSSEXVXHDV LDNRKEAGVK VKEGHEHQNQ QDPASELHVL120
FGGALTHGGD ARKHALPFRT GFSRSTQQPP PRARFLPLCR T 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 578:

- (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 578:

QTDNLSEKQP XGKXVCRGCP QGECSWERAV LLXPGRPALS XTLLXKXAPC EVNWVXVRGS 60
XXCXGAPAXT PXPXQRXAAS AXAGLEXSXA XAGXAGCCX GLPXVWSXLA LPTASLEASX120
XPRPAASPRT SCPSTLPQAT KTRVLPNKX XLGTXSKLIF 160

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 579:

- (A) LÄNGE: 437 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 579:

20 SQGVLSSDGV WRVKSIPNGK GSSPLPTATT PKPLIPTEAS IRVWGTSCTS HLHPRSICMI 60
QKYNHDGEAG RLEAFSQGES VLKEPKYQEE LEDRLHIFYVE ECDYLQGFQI LCDLHDGFSG120
VGAKAAELLQ DEYSGRGIIT WGLLPGPYHR GEAQRNIYRL LNTAFGLVHL TAHSSLVCPL180
SLGGSLLGLRP EPPVSFPYLH YDAPLPFHCS AILATALDTV TVPYRLCSSP VSMVHLADML240
SFCGKKVVTG GAIIPFPLAP GQSLPDSLMO FGGATPWTPL SACGEPSGTR CFAQSVVLRG300
YRQSMHPKPQ NQDRTSTLCP SCMYHWGRNL GSVFTTAAAW SHEFFPSAAD SLQGGSSLP360
PLLKLQSTGY GSGWFPQGSR SSVLSLPPQ WRASQCLGHC VPLRPCTR PW KPW PETS PPS420
TCGAGPASWM LEWSTMT 437

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 580:

- (A) LÄNGE: 277 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 580:

45 TERLLLDGPP PHSPETPQFP PTTGAVLYTV KRNQVGPEVR SCPKASPRLO KEREQKAVS 60
ESEALMLVWD ASETKLPQT VEPPASFLSP VSSKTRDAGR RHVSGKPDQ ERWLPSSRAR120
VKTRDRTCPV HESPSGIDTS ETSPKAPRG LAKDSGTQAK GPEGEQQPKA AEATVCANNS180
KVSSTGEKVV LWTREADRVI LTMCQEQAQ PQT FNIIISQ LGNKTPAEVS HRFRELMQLF240
HTACEASSED EDDATSTSNA DQLSDHGDL SEEELDE 277

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 581:

- (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 581:

15 FPESHSSSSS SDRRSPWSDS WSALLVLVAS SSSSELASQA VWKSCMSSRK RWETSAGVLF 60
PSCWEMMLKV CGCAPCSWHM VRITRSASLV HRTTFSPVEL TLLLLAHTVA SAAFGCCSPS120
GPLACVPLSL AKPPLGALGE VSEVSIPDGD SWTGHVLSLV FTLALLEGSH LS 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 582:

20 (A) LÄNGE: 549 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 582:

35 EFPPGLTEPT AVRALARARR TRAGSASDPE RSPGAMALSE LALVRWLQES RRSRKLILFI 60
VFLALLLDNM LLTVVVPPIIP SYLYSIKHEK NATEIQTARP VHTASISDSF QSIFSYYDNS120
TMVTGNATRD LTLHQTATQH MVTNASAVPS DCPSEDKDLL NENVQVGLLF ASKATVQLIT180
NPFIFLLTNR IGYPIPIFAG FCIMFVSTIM FAFSSSYAFL LIARSLQGIG SSCSSVAGMG240
40 MLASVYTDDE ERGNVMGIAL GGLAMGVLVG PFFGSVLYEF VGKTAPFLVL AALVLLDGA1300
QLFVLQPSRV QPESQKGTPL TTLLKDPYIL IAAGSISFAN MGIAMLEPAL PIWMMETMCS360
RKWQLGVAFL PASISYLGIT NIFGILAHKM GRWLCALLGM IIVGVLSILCI PFPKNYGLI420
APNFGVGAFAN GMVDSSMMPI MGYLVDLRHV SVYGSVYAIA DVAFCMGYAI GPSAGGAIK480
AIGFPWLMTI IGIIDILFAP LCFFLRSPPA KEEKMAILMD HNCPIKTKMY TQNNIQSYPI540
45 GEDEEESD 549

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 583:

50 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 583:

YLLSHWNQYF WDTCTQNGEV ALCSSGNDNC WSQHFMYSIS KKHLWTHSSE LWSWFCKWNG 60
GFVNDAYHGL PRRPAARVRL WECVRHCGCG ILYGVCYRSF CWWCYCKGNW ISMAHDNYWD120
N 121

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 584:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 584:

DGGSVHWPGR LDFCSILLML NAVQITWDDG DHDSEQHVVO QQRQEHDEQD ELPRAAALLQ 60
PADQRQLAQG HGSGAPLGVA CAACPGPPCP RQRPHRSGLR QSGREF 106

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 585:

(A) LÄNGE: 409 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 585:

5 KSRLSVTLMP VQLSEHPewn ESMHSLRISV GGLPVLASMT KAADPRFRPR WKVILTFVVG 60
AAILWLLCSH RPAPGRPPTH NAHNWRLGQA PANWYNDTYP LSPPQRTAG IRYRIAVIAD120
LDTEPTAQDE NTWRSDLKKG YLTLSDSGDK VAVEWDKDHG VLESHLAEKG RGMELSDLIV180
FNGKLYSVDD RTGVVYQIEG SKAVPWVILS DGDGTVEKGF KAEWLAVKDE RLYVGGLKE240
WTTTTGDVFN ENPEWVKVVG YKGSVDHENW VSNYNALRAA AGIQPPANLI HESACWSDTL300
QRWFFLPRRA SQERYSEKDD ERKANLLLS ASPDFGDIIV SHVGAVVPTH GFSSFKFIPN360
TDDQIIIVALK SEEDSGRVAS YIMAFTLDGR FLLPETKIGS VKYEGIEFI 409

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 586:

10

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 586:

KLSPDGLAQC FRFELNELDA FVFHASDLGL RQGEAPVQRE GHVVGDSAA VLLGFEGHND 60
LVVGVGDELE GREAVSGDHR PDVAHSDVAE VRGGAQQQVG ALALVVLAV ALLAGAARQE120
EPALQRVTPA GRMLDEVSWR LDAGSSPQGV VVGHPVLVVH AALVAHHLHP LRVLVHHITR180
30 SGRPLLAQAA HVQTLVLHCQ PFGLEAFLHG AVAVGQNHFG HGFAAFDLVD DPRPVIHGVE240
FPIENNQVG 249

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 587:

35

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 587:

LEFFIPCLGS VNEACLFPGV SFHGLYFSSS SGSFAGSSLW KLHERWLGLG FAGVYSRVKA 60
EWDLRPRLGT TQAEKGRFHH SQCPPHSNYL TPTPTLTPTP PRDRQGCHGG PEGAGSGCPC120
AGPSQTSFPL KLKHSCEEGS EEGPLSHGCL FPPLCHR 157

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 588:

- 5 (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 588:

NTMAVAARKW VMSKRTILKH LFPVQNGALY CVCHKSTYSP LPDDYNCNVE LALTS DGRTI 60
VCYHPSVDIP YEHTKPIPRP DPVHNNETH DQVLKTRLEE KVEHLEEGPM IEQLSKMFFT120
20 TKHRWYPHGR YHRCRKNLNP PKDR 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 589:

- 25 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 589:

40 IHQTAFSQMA NEAHFSLIPP GTSASSVFWR IQILTTSVIP SMRIPTVLSS KEHFAKLFYH 60
RSFLKVFNFF FQSGFQHLIM CFFIIMHRIW PRDRFCVFIW NVHRRVVAYY CPAIRSQSKL120
YVAIIVIW 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 590:

- 45 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 590:

10 KLVCLEADSK SSFSSEHLFS YHLISILKHH GCSCSKMGDV KENYLETFIS SPKWSFILCL60
S 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 591:

15 (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 591:

30 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAAFYQK120
GENSCLSFLK NAFLYLSIRH YTSELYKRPG GTMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 592:

35

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 592:

TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
RDLLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 593:

- 5 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 593:

20 TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
RDLALLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 594:

- 25 (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 594:

40 TPALRARS LR DRCARAPCPH GGQRRRRRL NAEGAEGARG GGSSYSEMAE TVADTRRLIT 60
KPQNLNDAYG PPSNFLEIDV SNPQTVGVGR GRFTTYEIRV KTNLPFIKFK ESTVRRRYSD120
FEWLRSER ESKVVVPPLP GKAF LRQFL EEMMEYLMTI LLRKENKGWS SL 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 595:

45

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 595:

10 SAAGCQPRSP PFRSCCRRR GLPPPPPSA AAAGAAARRG DTGLARSGRE ENEHVERAFT 60
PHAKLLPAPL KLPPSPGEK RLTSWNATPG SREARPLGR GTADWGVRRS GVMGLGVANR120
FRPDYSA 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 596:

15 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 596:

30 FTSQPFKVTV SSSNSRFFQL ENRKICLDPD FVSGEAPAD PHRLRVAHID LEEVAGGSVG 60
VIQVLRGLDQ PPGVSHGLRH FAVAAAAAAG SLRPLRVQPP PPALLPAVGT RGSRAAVAKR120
TST 123

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 597:

(A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 597:

SCGDVEQKIQ FKRETASLKL LPHQPRIVEM KKGSNGYGFY LRAQSEQKGQ IIKDIDSGSP 60
AEEAGLKNND LVVAVNGESV ETLDHDSVVE MIRKGGDQTS LLVVDKETDN MYRLAHFSPF120

LYYQSQELPN GSVKEAPAPT PTSLEVSSPP DTTEEVDHKP KLCRLAKGEN GYGFHLNAIR180
GLPGSFIKEV QKGGPADLAG LEDEDVIEV NGVNVLDPEY EKVVDRIQSS GKNVTLLVCG240
KKAYDYFQAK KPIVPSLAD AS 262

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 598:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 598:

KGWRSDFTVG GRQRDQGHVQ TGSFFSISLL SKSRTAQWLC QGGSSSYSHF SGSLKSTRYY60
RGSRS 65

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 599:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 599:

AEDTIQKRNS QFETVTPPAP NCGDEERKQW LWFLSEGRLR TERSNHQGHR FWKSSRGGWL60
EEQ 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 600:

- (A) LÄNGE: 336 Aminosäuren
50 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 600:

15 KLNFTMRCC HICKLPGRVM GIRVLRSLV VILVLLLVAG ALTALLPSVK EDKMLMLRRE 60
IKSQGKSTMD SFTLIMQTYN RTDLLKLLN HYQAVPNLHK VIVVWNNIGE KAPDELWNSL120
GPHPIPVIFK QQTANRMRNR LQVFPELETN AVLMVDDDTL ISTPDLVFAF SVWQQFPDQI180
VGFVPRKHVS TSSGIYSYGS FEMQAPGSGN GDQYSMLVIG ASFFNSKYLE LFQRQPAAVH240
ALIDDTQNC DDIAMNFIIAK HIGKTSGLIFV KPVNMDNLEK ETNSGYSGMW HRAEHALQRS300
YCINKLVNIY DSMPLRYSNI MISQFGFPYA NYKRKI 336

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 601:

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 601:

HALKILQHYD FPVWFSICQL QKKNIKVKQT KTNLKTAWHL SSFSMLCIFL SNIMNFIYSR 60
SLYNRKSAV LLGYKIHITF ESQEVGLIQL GLLMKSFHGP I 101

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 602:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 602:

5 FKSFNKRSVL LYVCIMRVKE SMVDLPWDFI SLRNMSILSS LTLGSKAVKA PATSNNT60
TKDNRSTRIP ITLPGSLQMW QHLIVLKFN 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 603:

10 (A) LÄNGE: 163 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 603:

25 IYGVSFILFN IKNIYVSVIP CQGCLLVCLR FCFIFIHVVV IFSSQFLLVS PFPGSFLLLL 60
LSVGDDKLVS LRALHLWIFL XSLTGQPAPV GSGPVLRLPR SLFHLQVCLP XPAPGLAPAA120
ACPSEALLSP PGSHGWFLS QLVSLNPKPL RNWGLVSGTC CYQ 163

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 604:

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 604:

PLSFLMYKTL LSGLEFEHLW XFIYFAXVCG QSNIFPKYIL PRKXKKQIRX FDXKXNRPK 60
GAXTWSRAWX RGKAXRGQVC CGQICAYFIT GVKXKQXID VXRIYTVXRN XRXFXKNRN120
50 TXWXXFYHXX YTFSLWXNXL TKLXFKIKLM 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 605:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 605:

15

LDFKXQFCES IXPQAKCVXX MIKXXPXXIP VFLKXVPXIS XHCIYPXDIN XTLEFSFYSSN 60
KVGTDLSTTN LPSXCLASXP CSAPGXXPLX XPVXFXVKXP NLLLAFSW . 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 606:

20

- (A) LÄNGE: 203 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 606:

GPSALVHVR PDLCNPLSC GSLACMAYTG ELGLWAVQTQ GSHFAPPLS PFSILALRQN 60
FSQRRTLCCP RSAVILPFLP SFHPSSAQMK SSRNSSFLPL WDETGNLQG GVFPSPFLF120
STPRGTAAV PTSGTELHTI VGKLQGPLLL VLAHLCTYWS FWQKRKMIEP RVAPECSLT180
40 VEGPKLVFRA HPRREVIRCH AFC 203

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 607:

- 45
- (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 607:

EVRQKEWCLL WSFFPFGAGL CAKLGPQHIW STILLVGARPE HLTQPVHTAP RVPPLSQAGP 60
TAPGSADKGM ACPLRCQNSI QKAPPQVDV PGAGEESGTT TLAVNLSNRG LGFLVAASCP120
GLEVHRSRGV PLGTKDMPHW GCNGEKSGKL GAQL 154

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 608:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 608:

CGVLSLRWVQ QPWFLWGLRI RIVGREKLLL EDFLSQSPRE VERRNFCWTS SGQRKDGMKV 60
EKAELQLSGD NKEFFSGKSF VLEQGWMGT TKEQSVTLG FGQPRGPAPQ YKPYRPGTHR120
RVD 123

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 609:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 609:

50

LVEPNGLFWF HFSASRRQNK ESHSKMFIVD NMSLKVVPLC SYSTEEMIHI PIIDMVSQSE60
ESFRRLLHKYV LCTCPMLG NR KIIVIDKT 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 610:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 610:

SCFHKLSTQE PDGKKKNKYA DNYRKINPNL VKLVKACTFQ RFIRTGLNRE FLLNKMALTL60
VPRNWN PQRS YTG DNSALIL 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 611:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 611:

MGITHECVIL LGASANSLTV VPSLTLPVHH LRRLDPSLTS PFLKPVSFSL LPNWLWFLQ60
PFHSRAIFAK E 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 612:

- (A) LÄNGE: 395 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 612:

APMRPERPRP RGSAPGPMET PPWDPARND S LPPTLTPAVP PYVKLGTLTV YTVFYALLFV 60
FIYVQLWLVL RYRHKRLSYQ SVFLFLCLFW ASLRTVLFSF YFKDFVAANS LSPFVFWLLY120
CFPVCLQFFT LTLMNLYFTQ VIFKAKSKYS PELLKYRLPL YLASLFISLV FLLVNLTCAV180
10 LVKTGNWERK VIVSVRVAIN DTLFVLCVLS LSICLYKISK MSLANIYLES KGSSVCQVTA240
IGVTVILLYT SRACYNLFIL SFSQNKSVHS FDYDWINVSD QADLKNQLGD AGYVLFQVVL300
FVWELLPTTL VVYFFRVRNP TKDLTNPGMV PSHGFSPRSY FFDNPRRYDS DDDLAWNIA360
QGLQGGFAPD YYDWGQQTNS FLAQAGTLQR LNFGS 395

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 613:

(A) LÄNGE: 213 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 613:

ARCAETPAGA AAASPDEAR ASPAARQRPR PDGDPVAGPS PQLAAAHAD PGRAPLREAW 60
PHRRLHRVLR AALRVHLRAA LAGAALPPQA AQLPERLPLS LPLLGLPADR PLLLLQLRLR120
35 GGQFAQPLRL LAALLLPCVP AVFHPHADEL VLHAGDFQSQ VKIFSRTIQI PVAPLPGLPL180
HQPCFPVGEF NLCCAGKDGK LGEEGYRLCA SGH 213

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 614:

40 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 614:

LG FENHLREV QVHQREGEKL QAHREAVEQP EDEGAERIGR HEVFEVEGEE DGPQGGPEEA 60
EKEEDALVAE PLVAVTQHQP ELHVDEHEEQ RVEHGVDDGE AKLHVGGHGR GQRGRQRVVA120
GWVPRRGLHR AGGAAARPGT LGPHRGSRPP PPRGSPRIA P 161

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 615:

- 10 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 615:

25 HKKTSSYSYGV TVCSYDSIIR LKAGEICVQF NRTQLKGRQV GWERKLLSGG IRGNQSKTKF 60
YCLQFNSIIA IMCSGKHIPV LLDRVSFPFS GTKMVEGIIN PT 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 616:

- 30 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 616:

45 VTCLSLYVET NFTMITDLN ISSLNFTIL KCLLENLHLF VPRCSSSIKP WAYFSVLLRP60
NFVGRGGQFC INIRYFVIHS PNLKLY 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 617:

50

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 617:

RMLIQNCPPR PTKFGLRRTL KYAHGFIDEE HLGTKRCKFS SRHFKIVWKF KLEMLHRSVI60
MVKLVSTYKD KQVTHW 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 618:

(A) LÄNGE: 378 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 618:

SRCRFCCRLS AAFLPRAMLG LAIVLAGRLN EGDRLKPPI SLRNFSFWSS FSKPAVSHWP 60
NWVPVHFLVS EASVLPDSRS ISSCKAFRLT WSMCASSMLP FFSNTTSKSV SVSSLQGSPA120
TPLSFLFFLV FLFRAGSSMT GCSTFFLDFI FFFAEDLGSS LMGMYSGAST LTGFFLLPFL180
GLLSMDLEGL EWPGRASPSW WIFFFFTFP LC SLGLFRLP FLXPRLPVPH PSSPLXQVSP240
TSLASLASQN QGSWTEKAXG VLGPPFFPSC XFLSFLPTLV SSSPCLXVLG RFSPQRHGTW300
LEVTSXFFFS PLRNSKPNT CFLRLGDFSV RLAGSVVSGS TCSSQRVLT P FFFFFFFFTR360
GISGACPWAT LLXGGCSS 378

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 619:

(A) LÄNGE: 269 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 619:

5 GTGSLGXRNG XRKSPREHNG KVKKKKKIHQ EGDALPGHSK PSRSMESSPR KGSKKKPVKV 60
EAPYIPIPD DPKSSAKKKM KSKKKVEQPV IEEPALKRKT RKKRKESGVA GDPWREETDT120
DLEVVLEKKG NMDEAHIDQV RRKALQEEID RESGKTEASE TRKWTGTQFG QWDTAGFENE180
10 DQKLKFLRLM GGFKNLSPSF SRPASTIARP NMALGKKAAD SLQQNLQRDY DRAMSLEVQP240
GSRLAVFSTA PNKIFYIDRN ASKSVKLED 269

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 620:

15 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 620:

30 VRVCFLPPRV SCYPTLFPLL PRLPFQSWLL DDWLLYLLFG LHLFLCGGLR VITYGDVFRS 60
LNFDWLLFTS FPRAALHGPG GLGVAWEGIS LLVDFFFLH LPIVFSGALP XSVSXPKAAC120
SSSFPTXAS VPNIPLPGL TEPRVLDREG XWGPXPFFS FLXFFELLAN SGFLLTLSXG180
XGEVFTPEAW DMARGDFLXF LFPTEELQVA KHLLEAG 218

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 621:

(A) LÄNGE: 389 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 621:

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNPGPSSLR RAFRRRELFF 60
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120

PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQKNNCVM PEDVKNFYLM TNGFHMTWSV KLDEHIIPLG180
SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240
GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWFLLDRALY WHFLTDFTTA YYRLLITHLG LPQWQYAFTS300
5 YGISPQAKQW FSKYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDPKSV FSKKNKIVIP KKKGPVQVQAG360
GQKGPSGPGS PSTSSTSKSS SGSGNPTRK 389

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 622:

- 10 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 622:

25 ARPAPAGREG RGEGEATSRR CGVGHRAGR EPAPHGAAV RPTPGPHHC AALSGAENYR 60
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRHRPRGW AAASRTWRS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 623:

- 30 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 623:

45 RSAGGFSSMMV TSVTPGEDSR MRVMPRVFS RCGLLQPSG DDASSMARD RDSRAAGAGG60
GPD PASAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGPGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 624:

- 50 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 624:

15 CCTEHRWPAS MPPQLQETRM NRSIPVEVDE SEPYPSSLK PIPEYSPEEE SEPPAPNIRN 60
MAPNSLSAPT MLHNSSGDFS QAHSTLKLAN HRPVSRQVT CLRTQVLEDS EDSFCRRHPG120
LGKAFPSGCS AVSEPASESV VGALPAEHQF SFMEKRQWL VSQLSAASPD TGHDSKSDQ180
SLPNASADSL GGSQEMVQRP QPXQEPSRPG SANHRHGI 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 625:

20

(A) LÄNGE: 212 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 625:

35

NLQITSGLYP GRSPACALKE WRTVKTVSAG DTQAWAKLSL LGALQSASLR LSLWLEPSLQ 60
SISFHLWKNV INGWYLSFOR LLLTLAMTQT NQTKVYLMPO QTPWAVARRW CNGPSLHRNR120
AGLDLPTIDT GYDSQPQDVL GIRQLERPLX LTSVCYPQDL PRPLRSREFP QFEPQRYPAC180
AQMLPPNLSP HAPWNYHYHC PGSPDHQVXI WP 212

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 630:

(A) LÄNGE: 184 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 630:

5

FMINVSFFFF LAAGRGKEEE MGCDGSKAGK VSHGPQTPFP PLSLSPLPKK KKKETFIMNQ 60
QGFSPYQREM WKELKKPPFV PNSTLPIFYA TQTLSEFWVPF LQMDLLRRII VFHVFSPOVT120
KINICIYNLY YCYIFVDNTF RWCWVIYYNL NLGISFGLPQ SLLRWGPWYG KTPRYNVTSP180
QPLY 184

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 631:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 631:

GPWLTFPAFD PSHPISSSFP LPAAKKKKKE TFIMNQOGFS PYQREMWKEL KKPPFVPNST 60
LPIFYATQTL SFWVPFLQMD LLRRIIVFHV FSPQVTKINI CIYNLYCYI FVDNTFRWCW120
VIYYNLNLGI SFGLPQSC 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 632:

35

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 632:

50

VVKGRKGKPW SSNPISSSFP LPAAKKKKKG NVYHESTGFQ SLSKRDVERA KETTLCSQLH60
FTHILCNTNT VLLGPFLTDG PLEKNYRIPR F 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 633:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 633:

RNHAKIQLPM QAPQSLILSS QFCCQATVVW RLVGCCPCCN EWEEVDSGMV ETFTSSSPAT 60
GIPPRPVLCC GGRFYSKKLL FEVGFAVWFK XHDAIAXERP SKDSGLPGLE N 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 634:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 634:

LRRNCPVQRP TFPFAPHLFR TPLHTLQPPK VPGSGFLHPA AATNANSLNS TFSVLPQRF60
QFQQHRAVYN SFSFPGQAAR YPWMAFPXQ 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 635:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 635:

FIQFSRPGSP LSLDGLSXAI ASCXLNHTAN PTSNSNFLDL NLPPQHNTGL GGIPVAGEEE60
VKVSTMPLST SSHSLQQGQQ PTLHTTVA 89

10

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,
umfassend
- 5 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 1-126 und
Seq. ID No 531-552, 554, 555.
- 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-
Sequenzen
- oder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten
Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1 - 126 und
20 Seq. ID No 531-552, 554, 555 oder eine komplementäre oder allelische Variante
davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-
25 552, 554, 555, dadurch gekennzeichnet, daß sie im Uterustumorgewebe erhöht
exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre
30 chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis
Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, zur Verwendung als Vehikel
zum Gentransfer.
- 35 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch
gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen
Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch
gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen
Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6
genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß
sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
- 5 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 10 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 25 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 35 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 40 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 50 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
- 5 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 10 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 15 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
- 20 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. Seq. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.
- 25 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenes Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.
- 30 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 35 27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor.
- 40 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden können.
- 45 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 in sense oder antisense Form.

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Endometriumtumor.
- 5 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Endometriumtumor.
- 10 32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.
- 15 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 20 34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 25 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.
- 30 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 35, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 35 37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

1/10

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

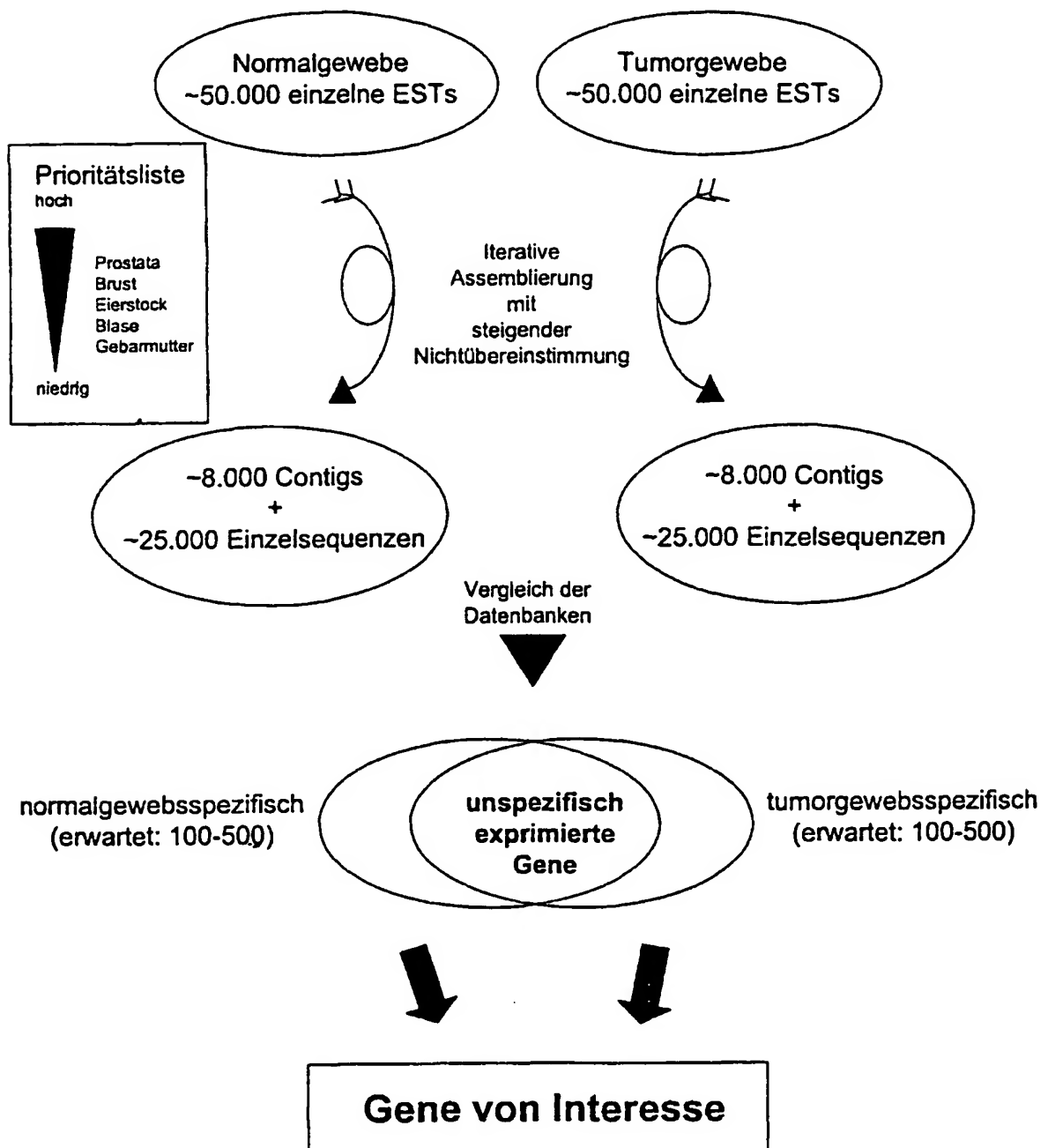


Fig. 1

2/10

Prinzip der EST-Assemblierung

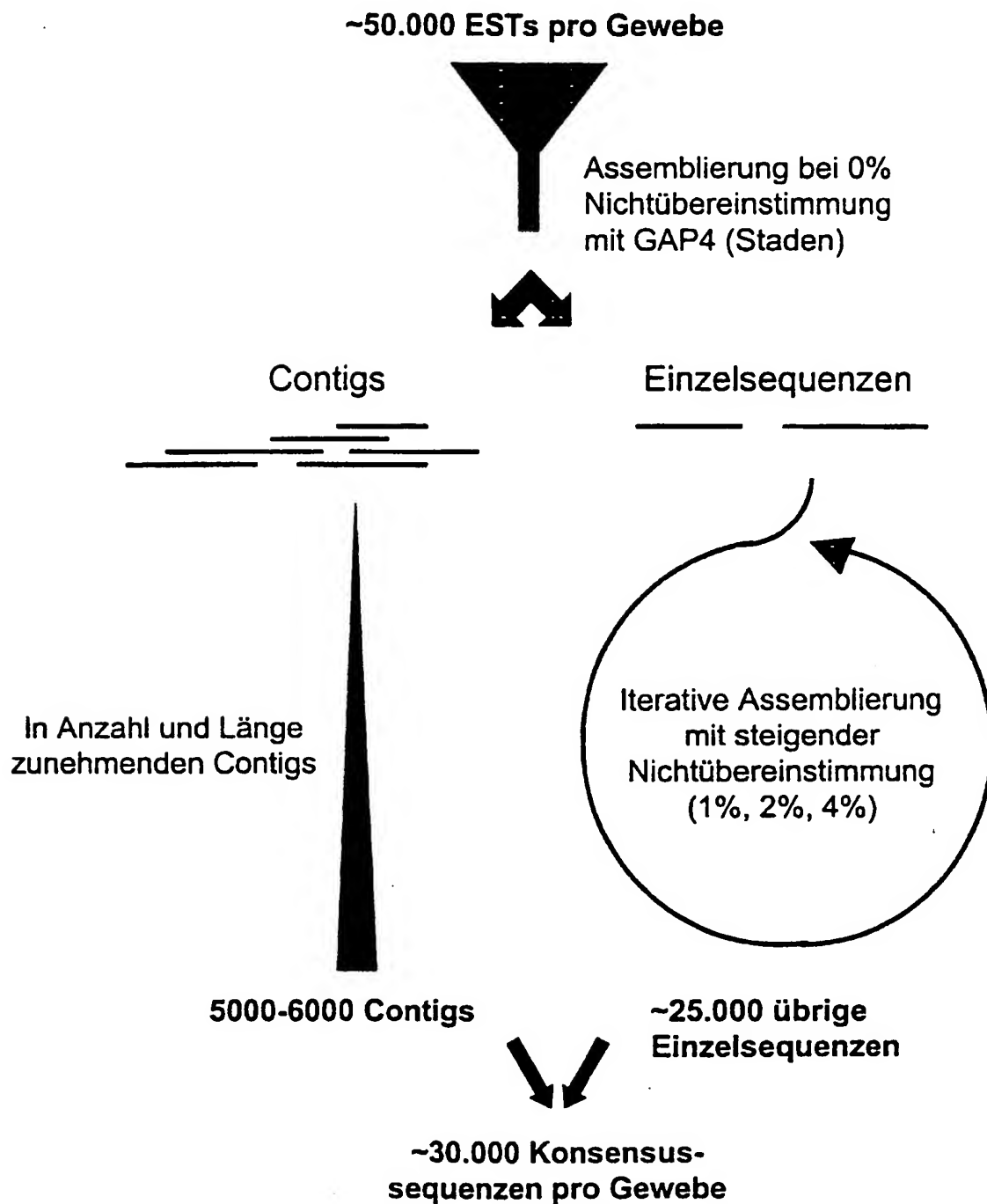


Fig. 2a

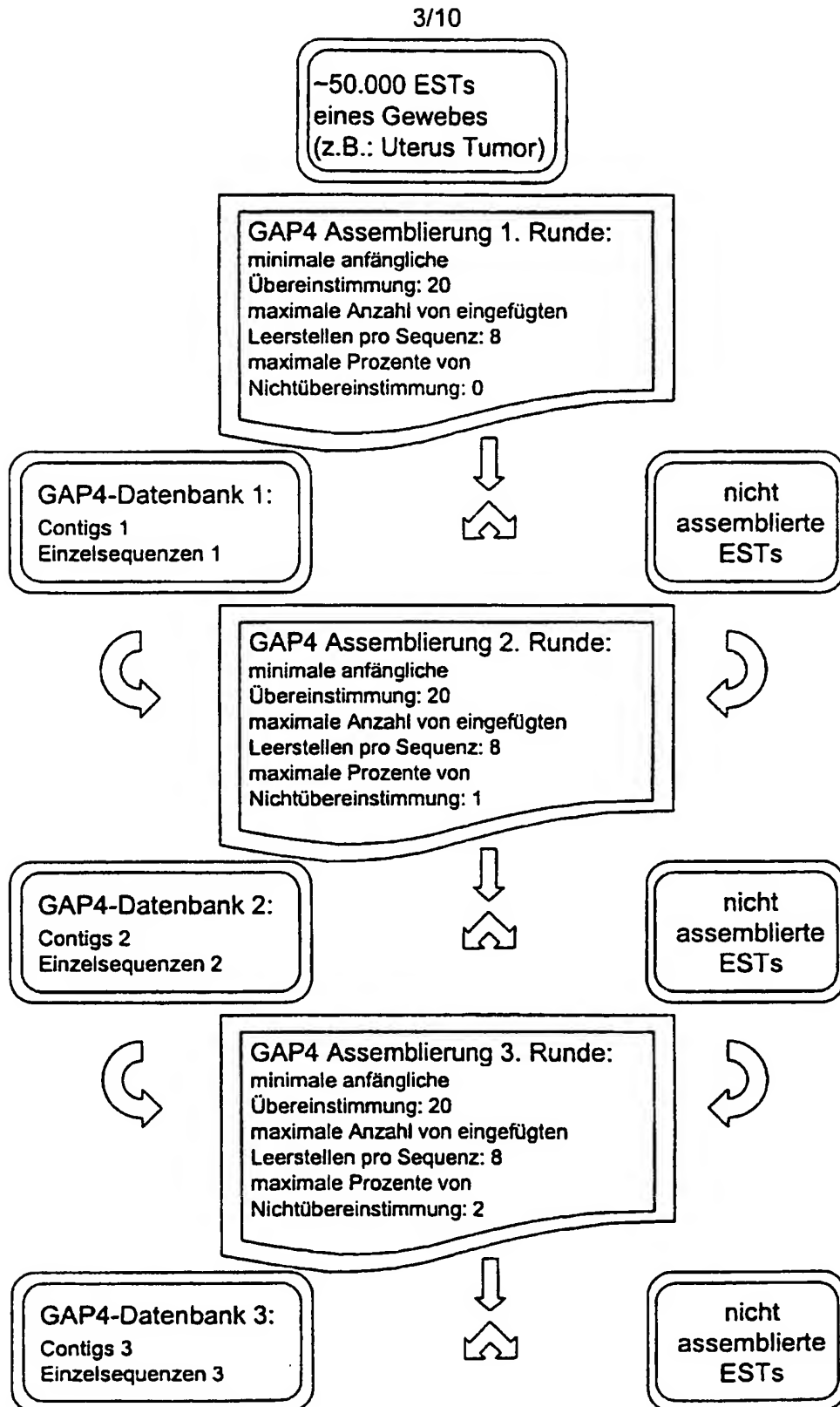


Fig. 2b1

4/10

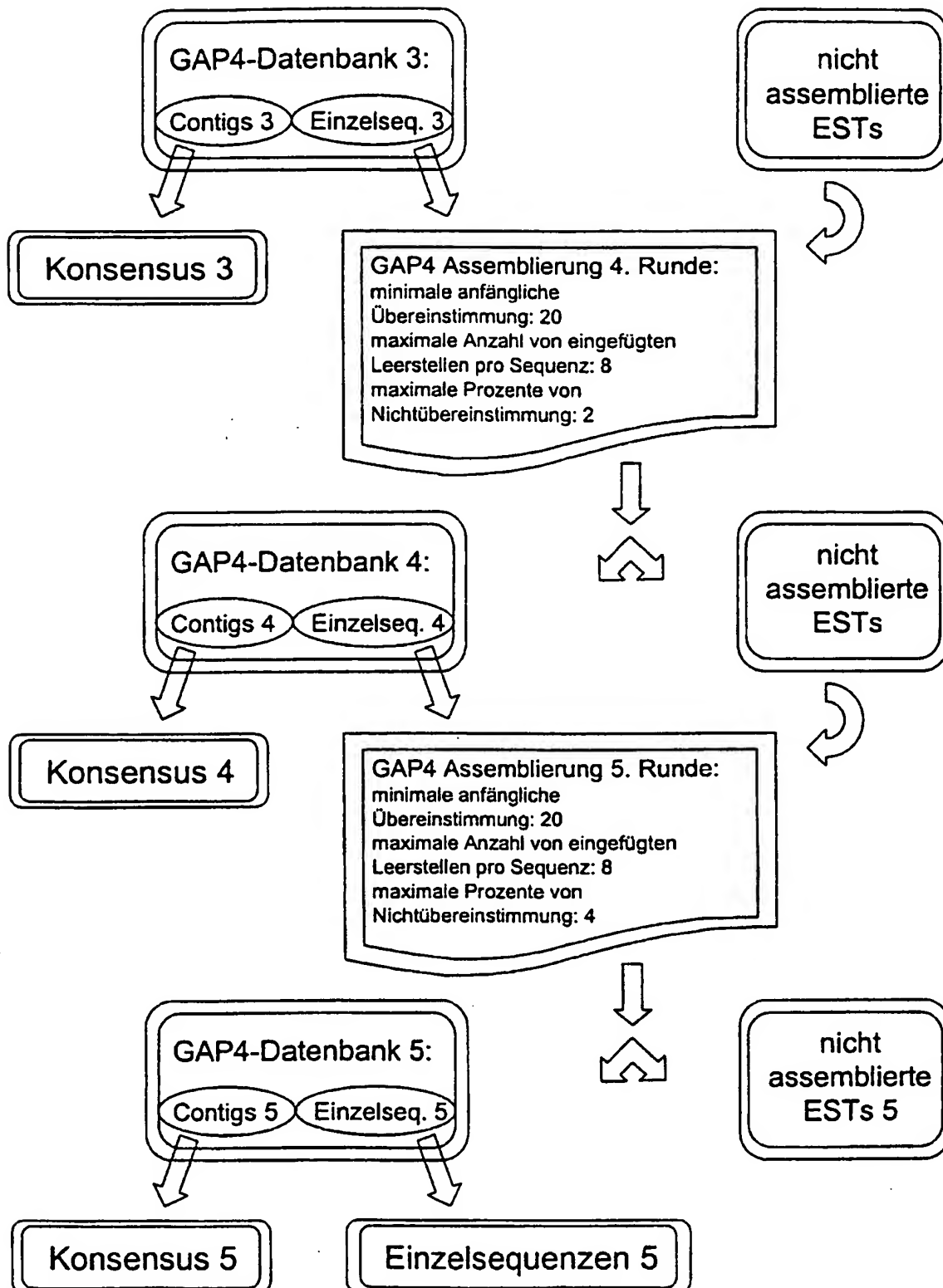


Fig. 2b2

5/10

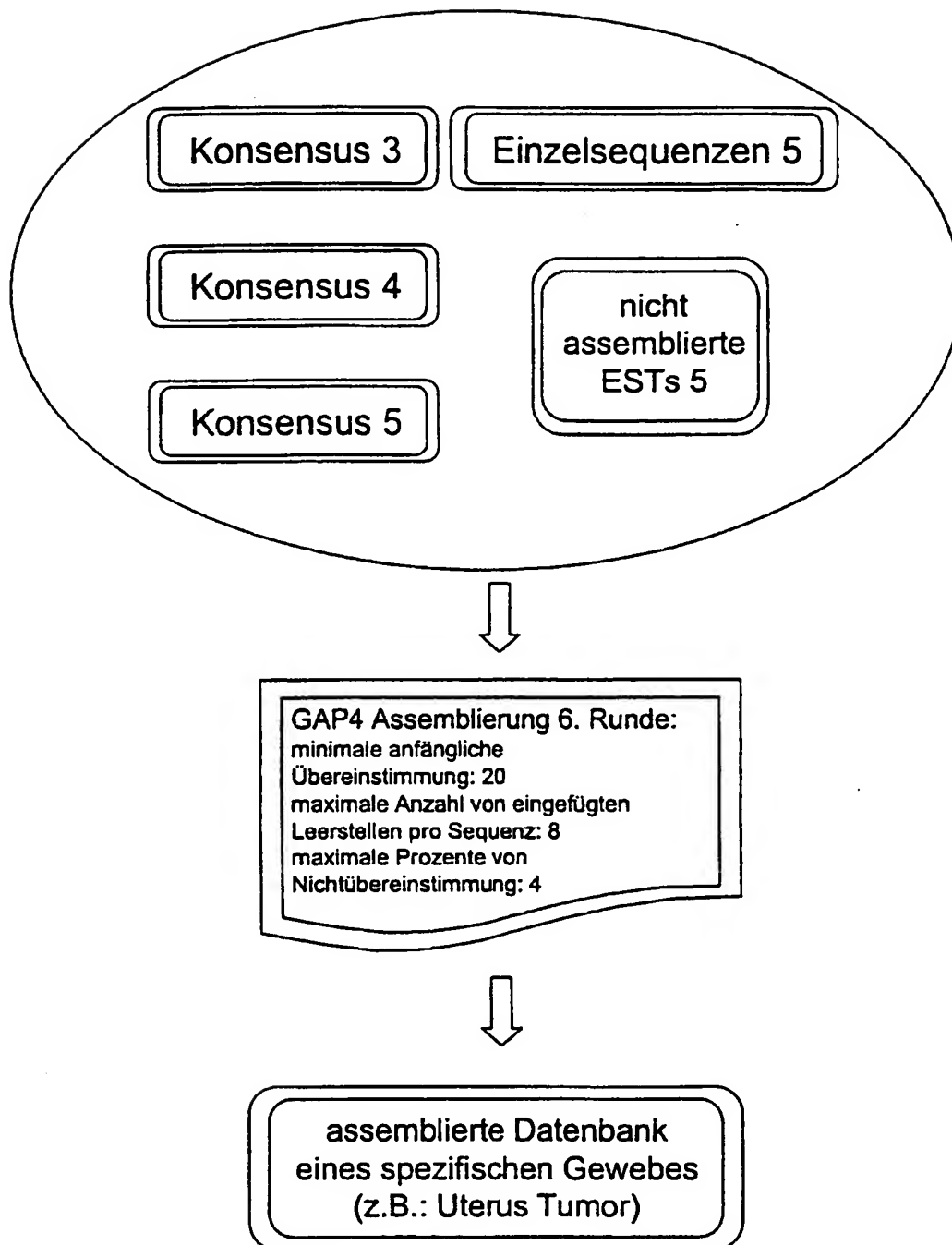


Fig. 2b3

6/10

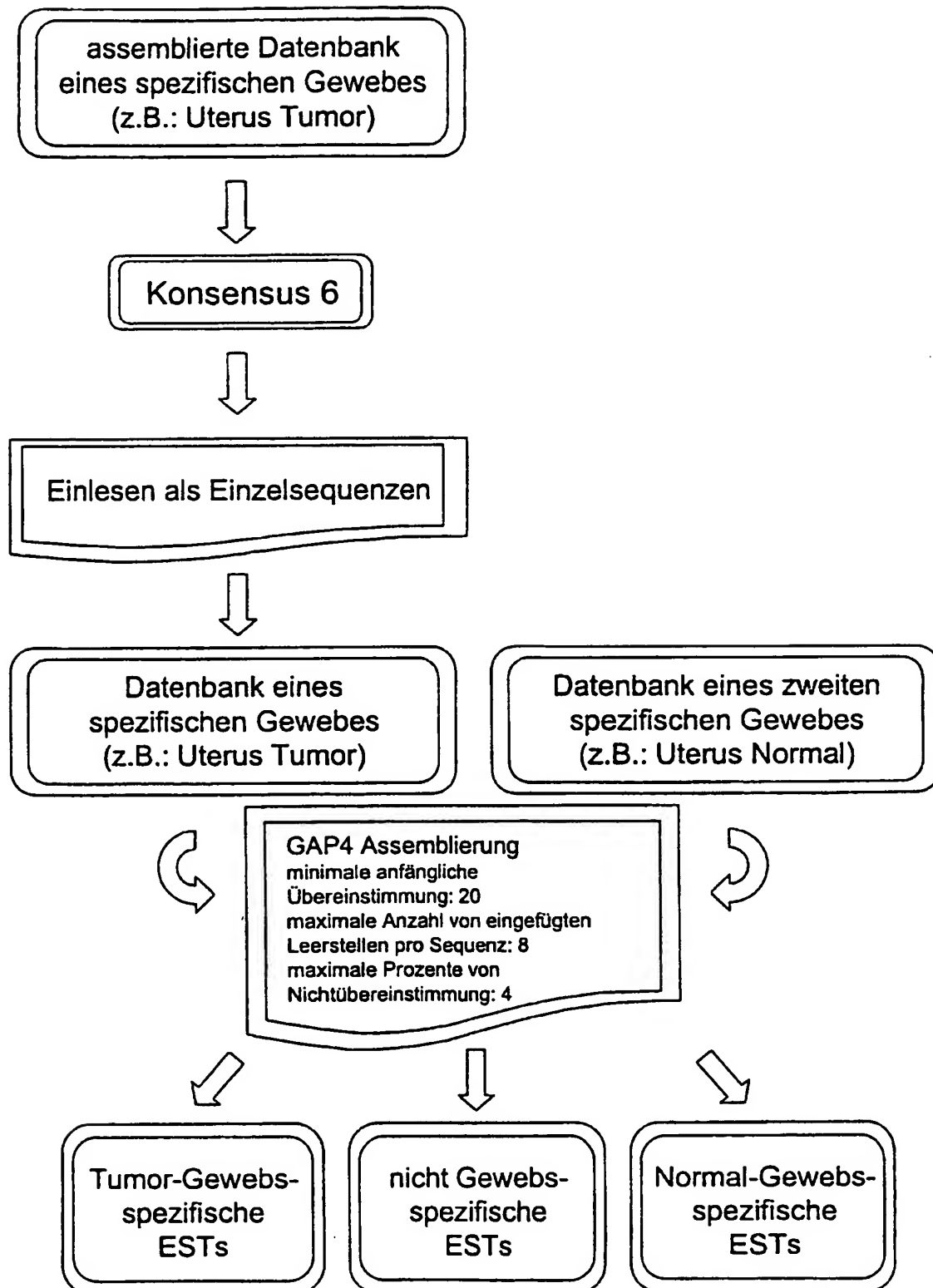


Fig. 2b4

7/10

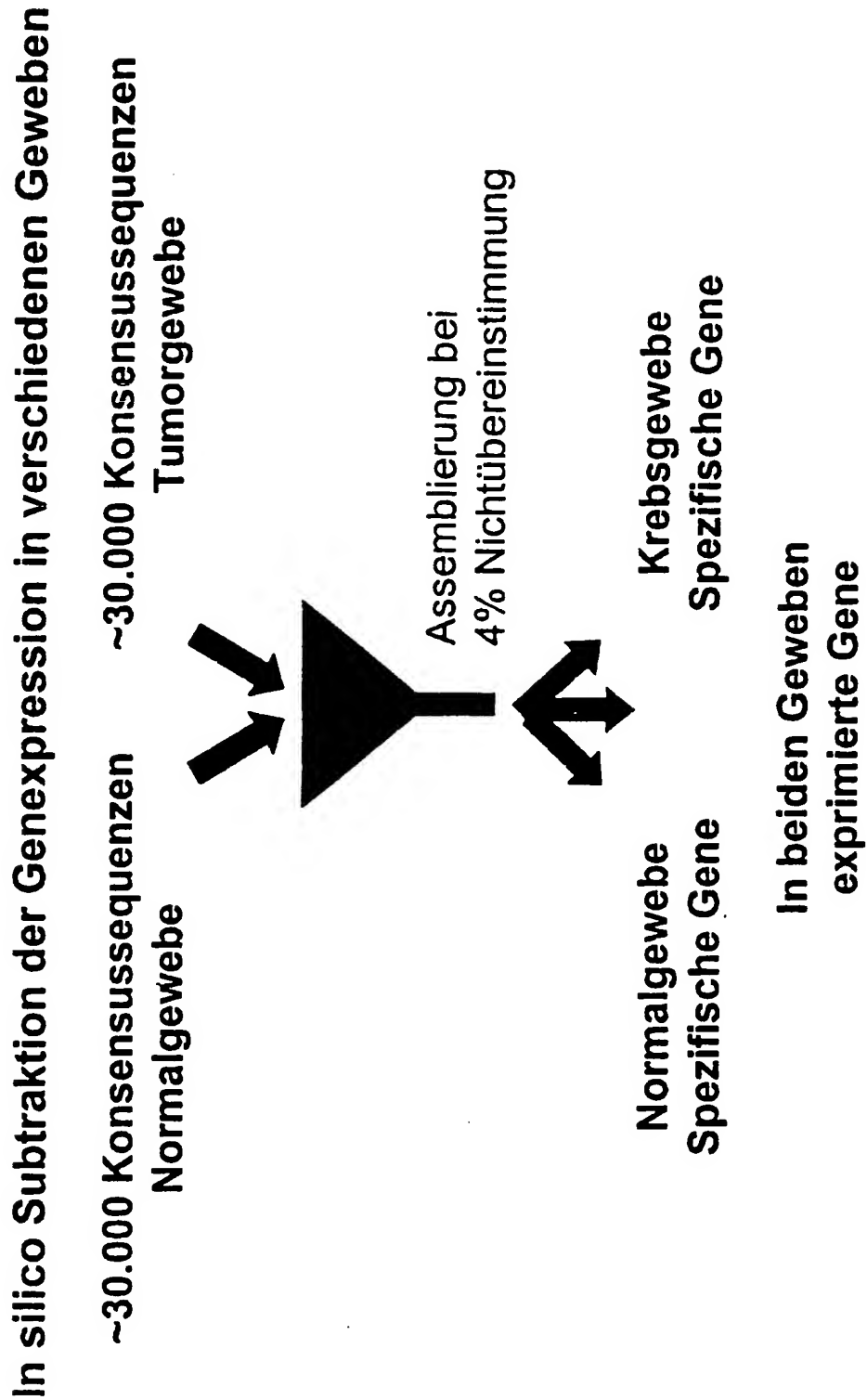


Fig. 3

8/10

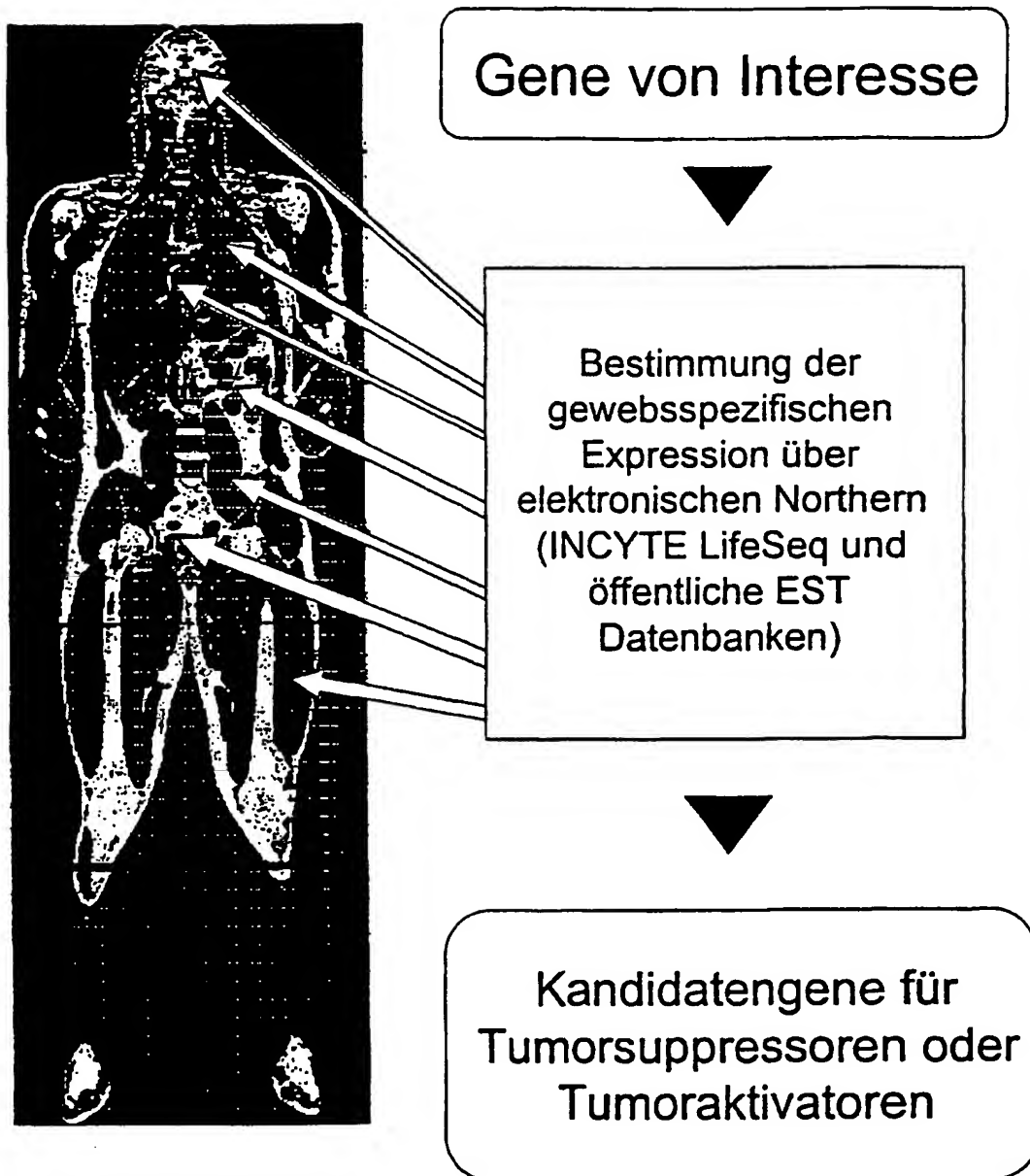


Fig. 4a

9/10

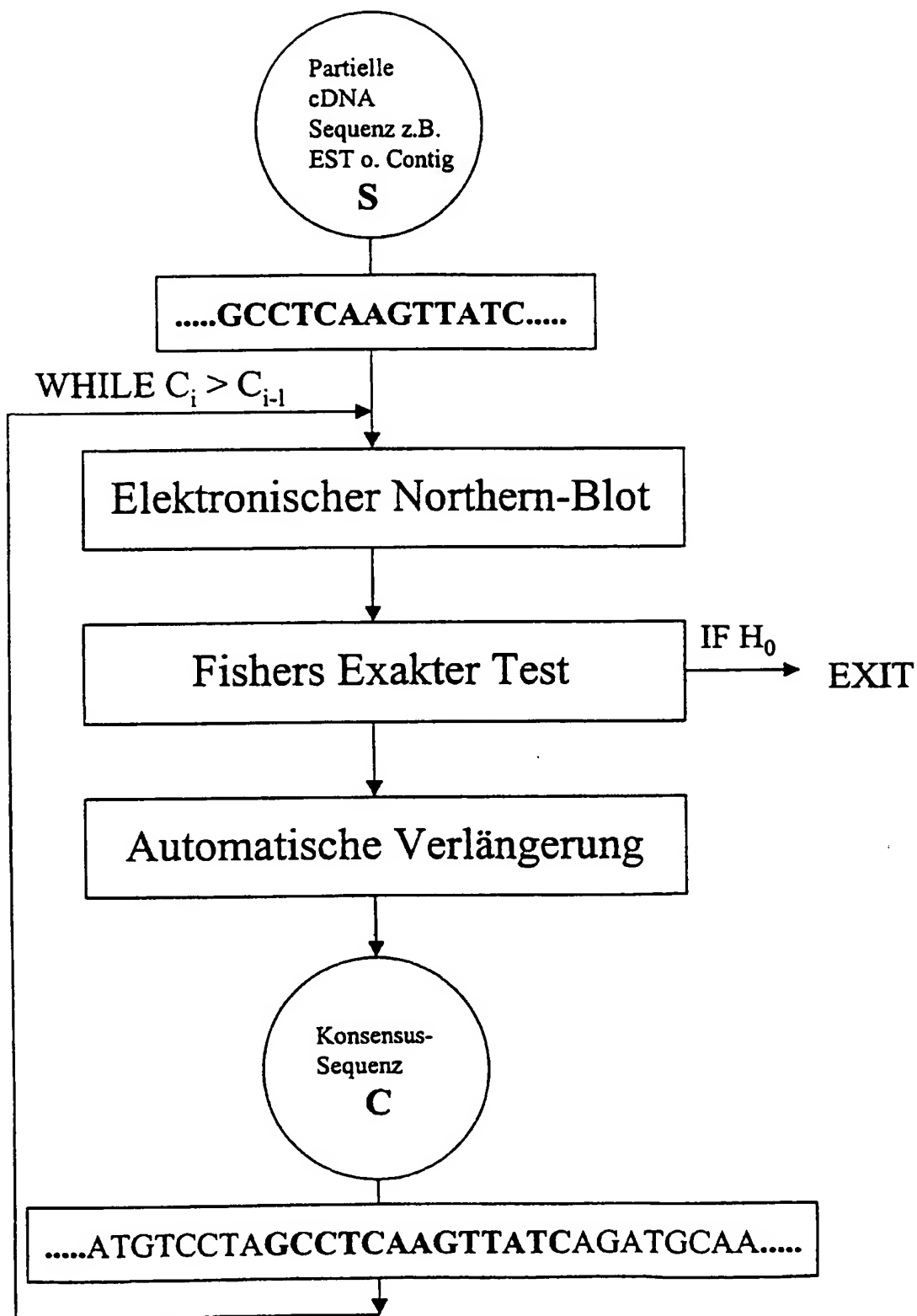


Fig. 4b

10/10

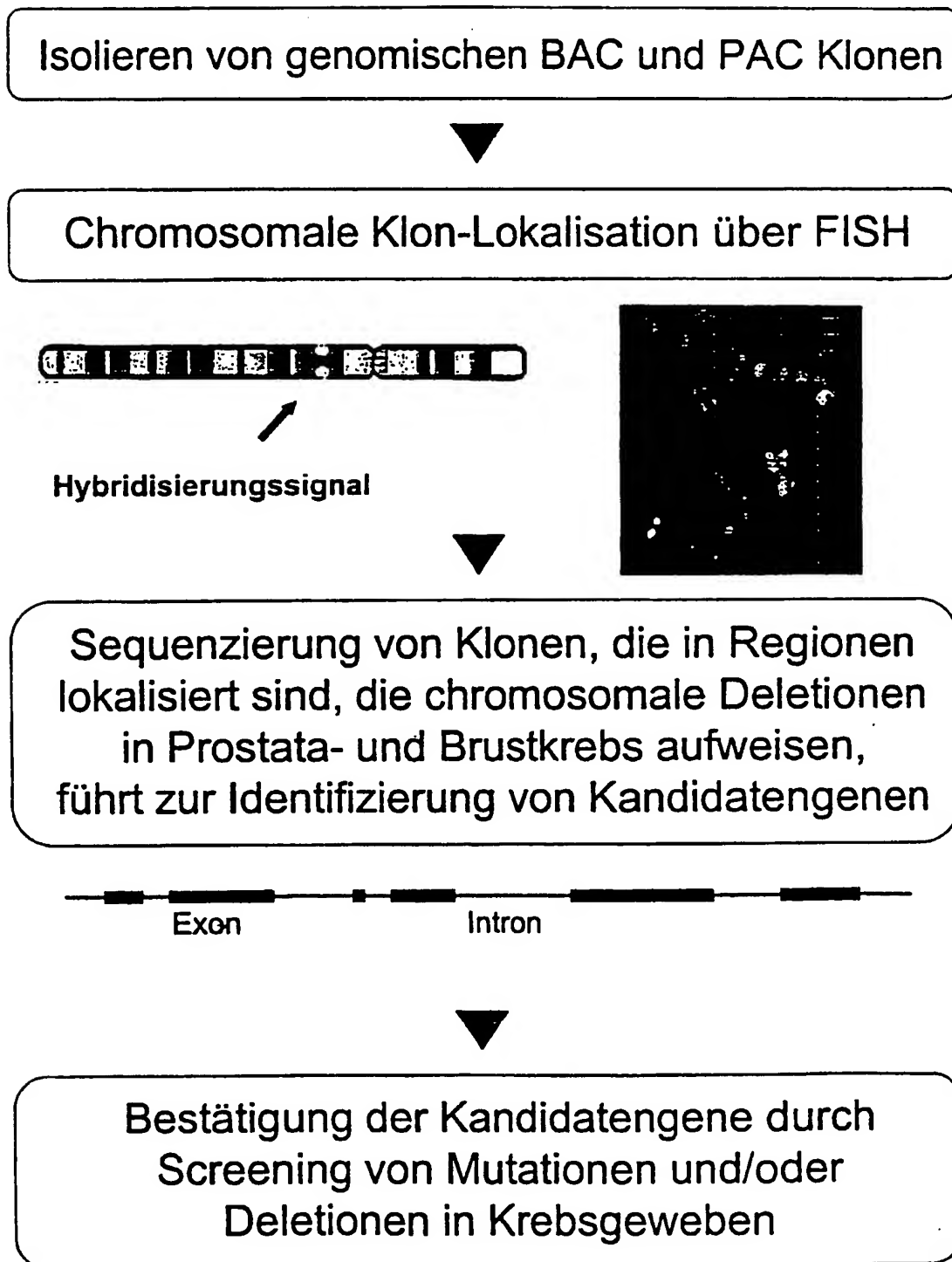


Fig. 5